



EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

② Anmeldenummer: 90106624.1

② Int. Cl. 5 C12N 15/12, C12P 21/02,
C07K 13/00, A61K 37/02

② Anmeldetag: 06.04.90

② Priorität: 21.04.89 DE 3913101
21.06.89 DE 3920282

② Anmelder: BOEHRINGER INGELHEIM
INTERNATIONAL G.M.B.H.

② Veröffentlichungstag der Anmeldung:
24.10.90 Patentblatt 90/43

D-6507 Ingelheim am Rhein(DE)

② Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE

② Erfinder: Hauptmann, Rudolf, Dr.
Döllachstrasse 22
A-2483 Ebreichsdorf(AT)
Erfinder: Himmler, Adolf, Dr.
Fürst Liechtensteinstrasse 2/3
A-1236 Wien(AT)
Erfinder: Maurer-Fogy, Ingrid, Dr.
Lindauergasse 35
A-1238 Wien(AT)
Erfinder: Stratowa, Christian, Dr.
Schellinggasse 3/9
A-1010 Wien(AT)

④ TNF-Rezeptor, TNF bindende Proteine und dafür kodierende DNAs.

④ DNA-Sequenzen, kodierend für ein TNF-bindendes Protein und für den TNF-Rezeptor, von dem dieses Protein die lösliche Domäne darstellt. Die DNA-Sequenzen können für die Herstellung rekombinanter DNA-Moleküle zur Herstellung von TNF-bindendem Protein und TNF-Rezeptor verwendet werden. Rekombinantes TNF-bindendes Protein kommt in pharmazeutischen Zubereitungen zur Behandlung von Indikationen, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF auftritt, zur Anwendung. Mit Hilfe des TNF-Rezeptors bzw. Fragmenten davon oder mit Hilfe geeigneter Wirtsorganismen, transformiert mit rekombinanten DNA-Molekülen, enthaltend die für den TNF-Rezeptor kodierende DNA oder Fragmente oder Modifikationen davon, können Substanzen auf ihre Wechselwirkung mit dem TNF-Rezeptor und/oder auf ihre Beeinflussung der biologischen Wirkung von TNF untersucht werden.

EP 0 393 438 A2

TNF-Rezeptor, TNF bindend Proteine und dafür kodierende DNAs

Die Erfindung bezieht sich auf einen TNF-Rezeptor sowie auf ein TNF bindendes Protein.

Tumornekrosefaktor (TNF- α) wurde erstmals im Serum von Mäusen und Kaninchen gefunden, die mit Bacillus Calmette-Guerin infiziert und denen Endotoxin injiziert worden war, und auf Grund seiner cytotoxischen und Antitumoreigenschaften erkannt (Carswell et al., 1975). Er wird vor allem von aktivierten

5 Makrophagen und Monozyten produziert. Zahlreiche Zelltypen, die Ziele für TNF sind, weisen Oberflächenrezeptoren mit hoher Affinität für dieses Polypeptid auf (Old et al., 1987); es wurde angenommen, daß 10 Lymphtoxin (TNF- β) an denselben Rezeptor bindet (Aggarwal et al., 1985, Gullberg et al., 1987). TNF- α ist identisch mit einem als Cachectin bezeichneten Faktor (Beutler et al., 1985), der die Lipoproteinlipase unterdrückt und bei chronisch-entzündlichen und malignen Erkrankungen zur Hypertriglyceridämie führt (Tortie et al., 1985, Mahoney et al., 1985). TNF- α dürfte an der Regulation des Wachstums sowie an der Differenzierung und Funktion von Zellen, die bei Entzündungen, Immunvorgängen und Hämatopoiese eine Rolle spielen, beteiligt sein.

TNF kann auf den Wirtsorganismus durch Stimulation von Neutrophilen (Shalaby et al., 1985, Klebanoff et al., 1986) und Monocyten sowie durch Hemmung der Replikation von Viren (Mestan et al., 1986, Wong et al., 1986) eine positive Wirkung ausüben. Darüberhinaus aktiviert TNF- α die Immunabwehr gegen Parasiten und wirkt direkt und/oder indirekt als Mediator bei Immunreaktionen, entzündlichen Prozessen und anderen Vorgängen im Organismus, wobei die Wirkmechanismen in vielen Fällen noch ungeklärt sind.

Die Verabreichung von TNF- α (Cerami et al., 1988) kann jedoch auch von schädlichen Erscheinungen (Tracey et al., 1986) wie Schock- und Gewebeschädigungen begleitet sein, die durch Antikörper gegen 20 TNF- α aufgehoben werden können (Tracey et al., 1987). Eine Reihe von Beobachtungen läßt auf eine Rolle von endogen freigesetztem TNF- α bei verschiedenen pathologischen Zuständen schließen. So scheint TNF- α ein Mediator der Kachexie zu sein, die bei chronisch-invasiven, z.B. parasitären Erkrankungen auftreten kann. TNF- α scheint auch eine wesentliche Rolle bei der Pathogenese des durch gram-negative Bakterien verursachten Schocks (Endotoxin-Schock) zu spielen; er dürfte an einigen, wenn nicht allen Wirkungen von

25 Lipopolysacchariden beteiligt sein (Beutler et al., 1988). Ebenso wurde eine Funktion von TNF bei den im Rahmen von entzündlichen Prozessen in Gelenken und anderen Geweben auftretenden Gewebeschädigungen sowie bei der Letalität und Morbidität der Graft-versus-host reaction (GVHR, Transplantat-Abstoßung (Piguet et al., 1987) postuliert. Auch wurde ein Zusammenhang zwischen der Konzentration von TNF im Serum und dem tödlichen Ausgang von Meningokokkenerkrankungen berichtet (Waage et al., 1987).

30 Weiters wurde beobachtet, daß die Verabreichung von TNF- α über einen längeren Zeitraum einen Zustand von Anorexie und Auszehrung verursacht, die eine ähnliche Symptomatik aufweist wie die Kachexie, die mit neoplastischen und chronischen infektiösen Erkrankungen einhergeht (Oliif et al., 1987).

Es wurde über eine TNF inhibierende Aktivität eines Proteins aus dem Harn von Fieberpatienten berichtet, von dessen Wirkung vermutet wird, daß sie auf einen kompetitiven Mechanismus auf Rezeptorebene selbst (ähnlich der Wirkung des Interleukin-1 Inhibitors (Seckinger et al., 1987)) zurückzuführen ist (Seckinger et al., 1988).

In der EP-A2 308 378 wird ein TNF inhibierendes Protein beschrieben, das aus menschlichem Harn gewonnen wurde. Seine Wirkung wurde im Harn gesunder und kranker Personen nachgewiesen und aufgrund der Fähigkeit bestimmt, die Bindung von TNF- α an seine Rezeptoren auf humanen HeLa Zellen 40 und FS 11 Fibroblasten sowie die zytotoxische Wirkung von TNF- α auf murine A9 Zellen zu inhibieren. Das Protein wurde im wesentlichen zur Homogenität gereinigt und durch seinen N-Terminus charakterisiert. In dieser Patentveröffentlichung werden zwar grundsätzlich mögliche Wege dargelegt, zur für das Protein dieser Patenteröffentlichung werden zwar grundsätzlich möglichen Lösungswege zum Ziel führt.

45 In Vorversuchen zur vorliegenden Erfindung konnte aus Dialyseharn von Urämiepatienten ebenfalls ein Protein identifiziert werden, das die biologischen Wirkungen von TNF- α hemmt, indem es durch Wechselwirkung mit TNF- α dessen Bindung an seinen Zelloberflächenrezeptor verhindert (Olsson et al., 1988). Von diesem Protein wurde auch eine Affinität zu TNF- β festgestellt.

Die Anwesenheit dieses Proteins (im folgenden TNF-BP genannt) im konzentrierten Dialyseharn wurde 50 durch Kompetition mit der Bindung von radioaktiv markiertem rekombinantem TNF- α an einen Subkton von HL-60 Zellen nachgewiesen, wobei der Einfluß von dialysiertem Harn auf die Bindung von 125 I-TNF- α an die Zellen gemessen wurde. Die durchgeführten Bindungsversuche zeigten eine dosisabhängige Hemmung der TNF- α -Bindung an die Zelle durch konzentrierten Dialyseharn (die Möglichkeit der Interpretation, daß die beobachtete Verringerung der Bindung durch gegebenenfalls im Harn vorhandenen TNF- α selbst oder TNF- β , der um die Bindung konkurriert, verursacht werden könnte, wurden durch den Befund, daß die

Verringerung der Bindung durch Anwendung von TNF- α -und TNF- β -Antikörpern nicht aufgehoben werden konnte, ausgeschlossen).

In analoger Weise wurde in Vorversuchen zur vorliegenden Erfindung nachgewiesen, daß TNF- β P auch Affinität zu TNF- β aufweist, sie beträgt ca. 1:50 seiner Affinität zu TNF- α .

Mittels Gelchromatographie auf Sephadryl 200 wurde festgestellt, daß eine Substanz im Harn und Serum von Dialysepatienten sowie im Serum von gesunden Personen mit rekombinantem TNF- α einen Komplex mit einem Molekulargewicht von ca. 75 000 bildet.

TNF- β P wurde aus mehreren Proben Dialyseharn von Urämiepatienten durch partielle Reinigung mittels Druckultrafiltration, Ionenaustauschchromatographie und Gelchromatographie 62fach angereichert.

Die erhaltenen Präparationen wurden zum Nachweis der biologischen Aktivität von TNF- β P durch Hemmung der wachstumshemmenden Wirkung von TNF- α auf HL-60-10 Zellen verwendet. Es zeigte sich eine dosisabhängige Wirkung von TNF- β P auf die biologische Wirkung von TNF- α . Es wurde weiters das Bindungsverhalten von Zellen durch Vorbehandlung mit TNF- β P und ausschließendem Kompetitionsbindungs test untersucht. Dabei wurde nachgewiesen, daß Vorbehandlung der Zellen mit TNF- β P die Bindung von TNF- α an die Zelle nicht beeinträchtigt. Dies zeigt, daß die Wirkung von TNF- β P nicht auf seiner etwaigen Bindung an die Zelle und Konkurrenzierung mit TNF- α um die Bindung an den Rezeptor beruht.

Das im wesentlichen homogene Protein wurde in hochgereinigter Form erhalten, indem Harn von Dialysepatienten durch Ultrafiltration konzentriert, der konzentrierte Harn dialysiert und zunächst in einem ersten Reinigungsschritt mittels DEAE-Sephadex-Chromatographie auf das Vierfache angereichert wurde.

Die weitere Anreicherung erfolgte mittels Affinitätschromatographie durch an Sepharose gebundenen TNF- α . Die Endreinigung wurde mittels Reverse Phase Chromatographie (FPLC) durchgeführt.

Es konnte gezeigt werden, daß das im wesentlichen hochgereinigte Protein die zytotoxische Wirkung von TNF- α auf WEHI 164 Klon 13 Zellen hemmt (Olsson et al., 1989).

Vom im wesentlichen hochgereinigten Protein wurde die N-terminale Aminosäuresequenz aufgeklärt. Sie wurde mit Asp-Ser-Val-Xaa-Pro-Gin-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gin-(Hauptsequenz) bestimmt (daneben wurde in Spuren die folgende N-terminale Sequenz nachgewiesen: Leu-(Val)-(Pro)-(His)-Leu-Gly-Xaa-Arg-Glu-(Nebensequenz)). Der Vergleich der Hauptsequenz mit der N-terminalen Sequenz des in der EP-A2 308 378 geöffneten TNF inhibierenden Proteins zeigt die Identität der beiden Proteine.

Es wurde folgende Aminosäurezusammensetzung, angegeben in Mol-Aminosäure pro Mol Protein und in Mol % Aminosäure, bestimmt als Mittelwert einer 24- und 48-stündigen Hydrolyse, ermittelt:

	Mol Aminosäure/Mol Protein	Mol % Aminosäure
Asp + Asn	27.5	10.9
Thr	15.8	6.3
Ser	20.7	8.2
Glu + Gln	35.0	13.8
Pro	9.5	3.8
Gly	16.0	6.3
Ala	4.2	1.7
Cys	32.3	12.8
Val	10.8	4.3
Met	1.1	0.4
Ile	7.0	2.8
Leu	20.2	8.0
Tyr	6.1	2.4
Phe	8.1	3.2
His	11.1	4.4
Lys	15.7	6.2
Arg	11.8	4.7
Total	252.9	100

55

Ein Gehalt an Glukosamin wurde mittels Aminosäureanalyse nachgewiesen. Die Ergebnisse eines mit Concanavalin A und Weizenkeimlektin durchgeführten Affineblots zeigen ebenfalls, daß es sich bei TNF- β P

um ein Glykoprotein handelt.

Das im wesentlichen homogene Protein wurde tryptisch verdaut und von 17 der erhaltenen Soaltpeptide die Aminosäuresequenzen bestimmt. Weiters wurde der C-Terminus analysiert.

TNF- β P kommt offensichtlich die Funktion eines Regulators der TNF-Aktivität mit der Fähigkeit zu, die Konzentrationsänderungen von freiem, biologisch aktivem TNF- α abzupuffern. TNF- β P dürfte auch die Ausscheidung von TNF durch die Niere beeinflussen, weil der mit TNF gebildete Komplex, dessen Molekulargewicht mittels Gelpermeationschromatographie auf Sephadex G 75 mit ca. 75000, bestimmt wurde, im Gegensatz zu TNF offensichtlich nicht durch den Glomerulus zurückgehalten wird.

Das TNF- β P wurde aus dem Harn von Dialysepatienten als eine von drei Hauptproteinkomponenten, die Affinität zu TNF aufweisen und die gemeinsam mit TNF- β P von der TNF-Affinitätschromatographiesäule eluierten, nachgewiesen. Die beiden anderen Proteine binden jedoch offensichtlich in einer Weise, die die Bindung von TNF- α an seinen Zelloberflächenrezeptor nicht beeinträchtigt.

Die zur biologischen Wirkung des TNF- β P erhaltenen Ergebnisse, insbesondere der Vergleich der Bindungskonstante mit der für den TNF-Rezeptor beschriebenen Bindungskonstante (Creasey et al., 1987) liefern einen ersten Hinweis dafür, daß es sich bei diesem Protein um den löslichen Teil eines TNF-Rezeptors handeln könnte.

Auf Grund seiner Fähigkeit, die biologische Wirkung von TNF- α und TNF- β zu inhibieren, ist das TNF-bindende Protein geeignet, bei Indikationen eingesetzt zu werden, bei denen eine Herabsetzung der TNF-Aktivität im Organismus angezeigt ist. Geeignet zur Anwendung bei diesen Indikationen sind auch Derivate oder Fragmente des TNF bindenden Proteins mit der Fähigkeit, die biologische Wirkung von TNF zu inhibieren.

TNF- β P (bzw. seine funktionellen Derivate oder aktiven Fragmente) kann zur prophylaktischen und therapeutischen Behandlung des menschlichen oder tierischen Körpers bei Indikationen, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF- α auftritt, eingesetzt werden. Zu diesen Erkrankungen zählen insbesondere entzündliche sowie infektiöse und parasitäre Erkrankungen oder Schockzustände, bei denen endogenes TNF- α freigesetzt wird, weiters Kachexie, GVHR, ARDS (Adult Respiratory Distress Symptom) und Autoimmunerkrankungen wie Rheumatoide Arthritis, etc. Es sind darunter auch pathologische Zustände zu verstehen, die als Nebenwirkungen bei der Therapie mit TNF- α , besonders bei hoher Dosierung, auftreten können, z.B. schwere Hypotension oder Störungen des Zentralnervensystems.

Auf Grund seiner TNF bindenden Eigenschaften ist TNF- β P auch als Diagnostikum für die Bestimmung von TNF- α und/oder TNF- β geeignet, z.B. als eine der Komponenten in Radioimmunoassays oder Enzymimmunoassays, gegebenenfalls zusammen mit Antikörpern gegen TNF.

Auf Grund seiner Eigenschaften ist dieses Protein ein pharmakologisch wertvoller Wirkstoff, der aus natürlichen Quellen nicht in ausreichender Menge mittels proteinchemischer Methoden darstellbar ist.

Es bestand daher das Bedürfnis, dieses Protein (bzw. verwandte Proteine mit der Fähigkeit, TNF zu binden) auf rekombinantem Weg herzustellen, um es für die therapeutische Anwendung in ausreichender Menge zur Verfügung zu stellen.

Unter der "Fähigkeit, TNF zu binden" ist im Rahmen der vorliegenden Erfindung die Eigenschaft eines Proteins zu verstehen, an TNF- α derart zu binden, daß die Bindung von TNF- α an den funktionellen Teil des Rezeptors verhindert und die Wirkung von TNF- α im menschlichen oder tierischen Organismus gehemmt oder aufgehoben wird. Durch diese Definition ist die Fähigkeit eines Proteins, auch an andere Proteine, z.B. an TNF- β , zu binden und deren Wirkung inhibieren zu können, mit eingeschlossen.

Der vorliegenden Erfindung lag die Aufgabe zugrunde, die für TNF- β P kodierende DNA zur Verfügung zu stellen, um auf deren Basis die Herstellung rekombinanter DNA-Moleküle zu ermöglichen, mit denen geeignete Wirtsorganismen transformiert werden können, um TNF- β P bzw. funktionelle Derivate und Fragmente davon zu produzieren:

Im Rahmen dieser Aufgabenstellung sollte auch festgestellt werden, ob es sich beim TNF- β P um den löslichen Teil eines TNF-Rezeptors handelt. Diese Annahme wurde bestätigt, womit die Grundlage für die Aufklärung der Rezeptorsequenz geschaffen war.

Eine weitere Aufgabenstellung im Rahmen der vorliegenden Erfindung bestand in der Bereitstellung der für einen TNF-Rezeptor kodierenden cDNA für die Herstellung von rekombinantem humanem TNF-Rezeptor.

Das Vorhandensein eines spezifischen Rezeptors mit hoher Affinität zu TNF- α auf verschiedenen Zelltypen wurde von mehreren Arbeitsgruppen gezeigt. Kürzlich wurde erstmals von der Isolierung und vorläufigen Charakterisierung eines TNF- α Rezeptors berichtet (Stauber et al., 1988). Da die Bindung von radioaktiv markiertem TNF- α durch einen Überschuß TNF- β aufgehoben werden kann (Aggarwal et al., 1985), wurde vorgeschlagen, daß TNF- α und TNF- β einen gemeinsamen Rezeptor teilen. Da jedoch andererseits gezeigt werden konnte, daß bestimmte Zelltypen, die auf TNF- α ansprechen, gegen TNF- α

teilweise oder gänzlich unempfindlich sind (Locksley et al., 1987), wurde die Existenz eines gemeinsamen Rezeptors wieder in Zweifel gezogen.

Im Gegensatz dazu scheinen kürzlich erhaltene Ergebnisse zu den Bindungseigenschaften von TNF- β an Rezeptoren die Theorie eines gemeinsamen Rezeptors wieder zu erhärten (Stäüber et al., 1989), wobei in dieser Arbeit vorgeschlagen wird, daß zwischen TNF- α und TNF- β Unterschiede hinsichtlich der Wechselwirkung mit dem Rezeptor bzw. zusätzlich hinsichtlich der in der Zelle nach der Ligand-Rezeptor-Wechselwirkung eintretenden Ereignisse bestehen.

Kürzlich wurde von einem weiteren TNF bindenden Protein berichtet, von dem vermutet wird, daß es sich dabei um die lösliche Form eines anderen TNF-Rezeptors handelt (Engelmann et al., 1990).

Die Verfügbarkeit der für einen TNF-Rezeptor kodierenden DNA stellt die Voraussetzung für die Herstellung von rekombinantem Rezeptor und damit u.a. eine wesentliche Erleichterung für die Durchführung vergleichender Untersuchungen verschiedener Zelltypen auf ihre(n) TNF- α - und/oder TNF- β -Rezeptoren bzw. auf die durch die Bindung von TNF an den Rezeptor in der Zelle ausgelösten Reaktionen dar. Dadurch wird weiters die Aufklärung der dreidimensionalen Struktur des Rezeptors ermöglicht und damit die Voraussetzung für ein rationales Design für die Entwicklung von Agonisten und Antagonisten der TNF- β Wirkung geschaffen.

Bei der Lösung der gestellten Aufgabe wurde von der Feststellung ausgegangen, daß das Durchsuchen von cDNA-Bibliotheken mit Hilfe von Hybridisierungssonden, die von Aminosäuresequenzen kurzer Peptide abgeleitet sind, auf Grund der Degeneration des genetischen Codes mitunter auf größere Schwierigkeiten stößt. Zusätzlich erschwert wird diese Vorgangsweise dann, wenn von einem Protein, wie z.B. dem TNF- β BP, nicht bekannt ist, in welchen Geweben es synthetisiert wird. In diesem Fall kann bei einem Versagen dieser Methode unter Umständen nicht mit Bestimmtheit festgestellt werden, ob es auf die Wahl einer ungeeigneten cDNA-Bibliothek oder auf die zu geringe Spezifität der Hybridisierungssonden zurückzuführen ist.

Um die für TNF- β BP kodierende DNA zu erhalten, wurde daher zunächst erfindungsgemäß wie folgt vorgegangen:

Als cDNA-Bibliothek wurde eine Bibliothek der Fibrosarkomzelllinie HS913 T, die mit TNF α induziert worden war und in λ gt11 vorlag, eingesetzt. Um aus dieser Bibliothek λ DNA mit TNF- β BP Sequenzen zu erhalten, wurde die große Empfindlichkeit der Polymerase Kettenreaktion (PCR, (Saiki, 1988)) ausgenutzt. (Mit Hilfe dieser Methode kann aus einer gesamten cDNA-Bibliothek eine unbekannte DNA-Sequenz erhalten werden, die flankiert ist von Oligonukleotiden, die auf Basis bekannter Aminosäureteilesequenzen entworfen und als Primer eingesetzt wurden. Ein solches längeres DNA-Fragment kann nachfolgend als Hybridisierungssonde, z.B. zur Isolierung von cDNA-Klonen, insbesondere des ursprünglichen cDNA-Klons, eingesetzt werden).

Auf Basis der N-terminalen Aminosäuresequenz (Hauptsequenz) und Aminosäuresequenzen von tryptischen Peptiden, die vom hochgereinigten TNF- β BP erhalten worden waren, wurden Hybridisierungssonden hergestellt. Mit Hilfe dieser Sonden wurde mittels PCR aus der cDNA-Bibliothek HS913T eine cDNA, die einen Teil der für TNF- β BP kodierenden cDNA darstellt, erhalten. Diese cDNA weist die folgende Nukleotidsequenz auf:

CAG GGG AAA TAT ATT CAC CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT ACC AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC TGT CCA GGC CCG GGG CAG GAT ACG GAC TGC AGG GAG TGT GAG AGC GGC TCC TTC ACA GCC TCA GAA AAC AAC AAG.

Diese DNA stellt eine von möglichen Varianten dar, die geeignet sind, mit TNF- β BP-DNAs bzw. TNF- β BP-RNAs zu hybridisieren (solche Varianten umfassen z.B. diejenigen DNA-Moleküle, die durch PCR-Amplifikation mit Hilfe von Primern erhalten werden, deren Nukleotidsequenz nicht exakt mit der gesuchten Sequenz übereinstimmt, etwa aufgrund von zu Klonierungszwecken vorgesehenen Restriktionsschnittstellen oder aufgrund von bei der Aminosäuresequenzanalyse etwa nicht eindeutig ermittelten Aminosäuren). Unter aufgrund von bei der Aminosäuresequenzanalyse etwa nicht eindeutig ermittelten Aminosäuren). Unter "TNF- β BP-DNAs" bzw. "TNF- β BP-RNAs" sind Nukleinsäuren zu verstehen, die für TNF- β BP bzw. verwandte Proteine mit der Fähigkeit, TNF zu binden kodieren bzw. die für ein solches Protein kodierende Sequenz enthalten.

Unter TNF- β BP-DNAs (bzw. TNF- β BP-RNAs) sind auch cDNAs, abgeleitet von mRNAs, die durch alternatives Splicing entstanden sind (bzw. diese mRNAs selbst), mitumfaßt. Unter "alternativem Splicing" wird die Entfernung von Introns verstanden, bei der vom gleichen mRNA-Precursor verschiedene Spliceacceptor- und/oder Splicedonorstellen verwendet werden. Die dabei entstehenden mRNAs unterscheiden sich voneinander durch das gänzliche oder teilweise Vorhandensein oder Fehlen von bestimmten Exonsequenzen, wobei es gegebenenfalls zu einer Verschiebung des Leserasters kommen kann.

Die erfindungsgemäß zunächst erhaltene, einen Teil der für TNF- β BP kodierenden Sequenz enthaltende cDNA (bzw. Varianten davon) kann somit als Hybridisierungssonde verwendet werden, um aus cDNA-

Fraktion	Aminosäuren	
5	12	1- 8
	1	12- 19
	3	20- 32
	14.I	36- 48
	20	36- 53
	11	54- 67
10	14.II	79- 91
	26	133-146
	5	147-158
	27	159-172
(Aminosäuren 66-67 waren am Peptid nicht korrekt bestimmt worden)		

15 Die erhaltene cDNA stellt die Voraussetzung für die Herstellung von rekombinantern TNF-BP dar.

16 Die zunächst erfindungsgemäß isolierte cDNA enthält, wie bereits erwähnt, nach dem Codon für Asn-172 nicht das Stopcodon, das aufgrund der Analyse des C-Terminus zu erwarten wäre, sondern der offene Leserahmen wird fortgesetzt. Die Region zwischen Val-183 und Met-204 hat einen stark hydrophoben Charakter. Dieser hydrophobe Bereich von 22 Aminosäuren, gefolgt von einem Abschnitt mit einem Gehalt an positiv geladenen Aminosäuren (Arg-206, Arg-209) weist die typischen Merkmale einer Transmembrandomäne auf, die Proteine in der Zellmembran verankert. Der in Richtung C-Terminus folgende Proteinanteil ist dagegen wieder stark hydrophil.

17 Das Hydrophobitätsprofil ist in Fig.2 abgebildet (der Hydrophobitätsplot wurde mit Hilfe des Mac Molly Programms (Fa. Soft Gene Berlin) erstellt; die Fensterweite für die Berechnung der Werte betrug 11 Aminosäuren. Hydrophobe Bereiche entsprechen positiven, hydrophile Bereiche negativen Werten auf der Ordinate. Auf der Abszisse ist die Zahl der Aminosäuren, beginnend mit dem Startmethionin S1, dargestellt).

18 Aus der Proteinstruktur ergibt sich, daß die für das lösliche, sekretierte TNF-BP kodierende DNA Teil einer für ein größeres Protein kodierenden DNA ist: Dieses Protein weist die Merkmale eines in der Zellmembran verankerten Proteins auf, enthält TNF-BP in für eine extrazelluläre Domäne typische Weise und weist einen beträchtlichen für zytoplasmatische Domänen typischen Abschnitt auf. Lösliches TNF-BP wird offensichtlich von dieser membrangebundenen Form durch proteolytische Spaltung knapp außerhalb der Transmembrandomäne erhalten.

19 Die Struktur des von der erhaltenen cDNA kodierten Proteins im Zusammenhang mit der Fähigkeit von TNF-BP, TNF zu binden, bestätigen die Annahme, daß es sich bei TNF-BP um einen Teil eines zellulären Oberflächenrezeptors für TNF handelt, dessen extrazelluläre, für die Bindung von TNF verantwortliche Domäne proteolytisch abgespalten werden kann und in Form des löslichen TNF-BP wiedergefunden wird. (Dabei soll nicht ausgeschlossen werden, daß im Hinblick auf die Funktionsfähigkeit des Rezeptors dieses Protein gegebenenfalls mit einem oder mehreren anderen Proteinen assoziiert ist).

20 Für Zwecke der Produktion von TNF-BP in größerem Maßstab wird vorteilhafterweise nicht von der gesamten cDNA ausgegangen, weil das Erfordernis der Abspaltung von TNF-BP von dem Teil des Proteins, den membrangebundenen Teil des TNF-Rezeptors darstellt, berücksichtigt werden müßte. Es wird vielmehr, wie bereits angeführt, zweckmäßigerweise nach dem Codon für Asn-172 durch gerichtete Mutagenese ein Translationsstopcodon eingeführt, um eine über das C-terminale Ende von TNF-BP hinausgehende Proteinsynthese zu verhindern.

21 Mit der zunächst erfindungsgemäß erhaltenen cDNA, die eine Teilsequenz der für einen TNF-Rezeptor kodierenden DNA darstellt, kann man zur vollständigen Rezeptorsequenz gelangen, indem man z.B. mittels modifizierter PCR (RACE = "rapid amplification of cDNA ends" (Frohman et al., 1988)) das fehlende 3'-Ende mit Hilfe eines Primers, der aufgrund einer möglichst weit in Richtung 3'-Ende der vorhandenen cDNA gelegenen Sequenz konstruiert wurde, amplifiziert. Eine alternative Methode besteht im konventionellen Screenen der cDNA-Bibliothek mit der verfügbaren cDNA bzw. Teilen davon als Sonde.

22 Erfindungsgemäß wurde zunächst die Ratten-TNF-Rezeptor cDNA isoliert mit einer Teilsequenz daraus die vollständige humane TNF-Rezeptor cDNA erhalten und zur Expression gebracht.

23 Gegenstand der Erfindung ist ein humaner TNF-Rezeptor sowie die dafür kodierende DNA. Unter diese Definition fallen auch DNAs, die für C- und/oder N-terminal verkürzte, z.B. prozessierte, oder für modifizierte (z.B. durch Änderungen an proteolytischen Spaltstellen, Glykosylierungsstellen oder bestimmten Domänenbereichen) Formen bzw. für Fragmente, z.B. die verschiedenen Domänen, des TNF-Rezeptors kodieren. Diese DNAs können in Verbindung mit den für die Expression erforderlichen Kontrollsequenzen als

Bestandteil rekombinanter DNA-Moleküle, die ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, zur Transformation von prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtsorganismen verwendet werden. Dadurch wird einerseits die Voraussetzung geschaffen, den TNF-Rezeptor bzw. Modifikationen oder Fragmente davon in größeren Mengen auf rekombinantem Weg herzustellen, um z.B. die Aufklärung der dreidimensionalen Struktur des Rezeptors zu ermöglichen. Andererseits können mit diesen DNAs höhere eukaryotische Zellen transformiert werden, um Studien über Mechanismen und Dynamik der TNF-Rezeptor-Wechselwirkung, der Signalübertragung bzw. über die diesbezügliche Relevanz der verschiedenen Rezeptordomänen bzw. Abschnitten davon zu erhalten.

Der rekombinante TNF-Rezeptor (bzw. Fragmente oder Modifikationen davon) kann dazu verwendet werden, Substanzen auf ihre Wechselwirkung mit TNF oder dem TNF-Rezeptor bzw. auf ihren Einfluß auf die durch TNF induzierte Signalübertragung zu untersuchen. Derartige Screenings (unter Verwendung von Proteinen/Fragmenten bzw. von entsprechend transformierten höheren eukaryotischen Zellen) schaffen die Voraussetzung für die Identifizierung von Substanzen, die TNF substituieren, seine Bindung an den Rezeptor hemmen bzw. solche, die den Mechanismus der durch TNF ausgelösten Signalübertragung blockieren oder verstärken können.

Eine Möglichkeit für das Aufinden von Agonisten und Antagonisten von TNF bzw. dem TNF-Rezeptor besteht in der Etablierung eines High Capacity Screening. Dabei wird eine geeignete Zelllinie, vorzugsweise eine solche, die keinen endogenen humanen TNF-Rezeptor exprimiert, mit einem Vektor transformiert, der die für einen funktionellen TNF-Rezeptor kodierende, gegenüber der natürlichen Sequenz gegebenenfalls modifizierte, DNA enthält. Die Wirkung von Agonisten bzw. Antagonisten kann in einem derartigen Screening untersucht werden, indem die Antwort auf die Wechselwirkung der Substanz mit dem Rezeptor über einen geeigneten Reporter (veränderte Enzymaktivität, z.B. Proteinkinase C, oder Genaktivierung, z.B. Mangan-Superoxiddismutase, NF- κ B) verfolgt wird.

Untersuchungen über Mechanismen und Dynamik der TNF-Rezeptor-Wechselwirkung, der Signalübertragung bzw. die diesbezügliche Rolle der Rezeptordomänen können z.B. auch durchgeführt werden, indem DNA-Abschnitte, kodierend für die extrazelluläre Domäne des TNF-Rezeptors (bzw. Teile davon) mit DNA-Abschnitten, kodierend für verschiedene Transmembrandomänen und/oder verschiedene zytoplasmatische Domänen kombiniert und in eukaryotischen Zellen zur Expression gebracht werden. Die dabei erhältlichen hybriden Expressionsprodukte können geeignet sein, aufgrund gegebenenfalls veränderter Eigenschaften für die Signaltransduktion Aufschluß über die diesbezügliche Relevanz der verschiedenen Rezeptordomänen zu geben, womit ein gezieltes Screening erleichtert wird.

Die Verfügbarkeit der für den TNF-Rezeptor kodierenden cDNA bzw. Abschnitten davon stellt die Voraussetzung dar, zur genomischen DNA zu gelangen. Dazu wird unter stringenten Bedingungen eine DNA-Bibliothek gescreent und die erhaltenen Klone darauf untersucht, ob sie zusätzlich zu den kodierenden Regionen die für die Genexpression erforderlichen regulatorischen Sequenzelemente aufweisen (z.B. Überprüfung auf Promotorfunktion durch Fusion mit kodierenden Regionen geeigneter Reportergene). Der Erhalt der genomischen DNA-Sequenz bietet die Möglichkeit, die im nicht für den TNF-Rezeptor kodierenden Bereich, insbesondere in der 5'-Flankierenden Region, gelegenen regulatorischen Sequenzen auf eine etwaige Wechselwirkung mit bekannten, die Genexpression modulierenden Substanzen, z.B. Transkriptionsfaktoren, Steroide, zu untersuchen bzw. gegebenenfalls neue Substanzen, die möglicherweise für die Expression dieses Gens spezifische Wirkung haben, aufzufinden. Die Ergebnisse solcher Untersuchungen bieten die Grundlage für den gezielten Einsatz derartiger Substanzen für die Modulation der TNF-Rezeptor-Expression und damit für eine direkte Beeinflussung der Fähigkeit der Zelle zur Interaktion mit TNF. Damit können die spezifische Reaktion mit dem Liganden und die daraus resultierenden Wirkungen unterbunden werden.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung sind auch DNAs mitumfaßt, die für Subtypen des TNF-Rezeptors bzw. seiner löslichen Formen kodieren, welche gegebenenfalls unterschiedliche Eigenschaften gegenüber dem vorliegenden TNF-Rezeptor aufweisen. Dabei handelt es sich um Expressionsprodukte, die aufgrund von alternativem Splicing entstanden sind und geänderte Strukturen in Teilbereichen aufweisen, z.B. Strukturen, die eine Veränderung der Affinität und Spezifität für den Liganden (TNF- α /TNF- β) oder eine Veränderung hinsichtlich Art und Effizienz der Signalübertragung bewirken können.

Mit Hilfe der für den TNF-Rezeptor kodierenden cDNA können Nukleinsäuren erhalten werden, die mit der cDNA oder Abschnitten davon unter Bedingungen niedriger Stringenz hybridisieren und für ein Polypeptid mit der Fähigkeit, TNF zu binden, kodieren oder die für ein solches Polypeptid kodierende Sequenz enthalten.

Gegenstand der Erfindung ist in einem weiteren Aspekt das rekombinante TNF-BP, vorzugsweise in sekretierbarer Form, das den löslichen Teil des erfindungsgemäßen TNF-Rezeptors darstellt sowie die dafür kodierende DNA.

Durch Einbringen eines DNA-Konstruktes, enthaltend die für TNF-BP kodierende Sequenz mit einer für ein Signalpeptid kodierenden Sequenz unter Kontrolle eines geeigneten Promoters in geeignete Wirtsorganismen, zweckmäßigerweise in eukaryotische, bevorzugt höhere eukaryotische Zellen, kann TNF-BP produziert werden, das in den Zellüberstand sekretiert wird.

5 Im Falle der Verwendung eines Signalpeptids im Hinblick auf die Sekretion des Proteins wird zweckmäßigerweise die für das Signalpeptid kodierende DNA vor das Codon für Asp-12 gefügt, um ein einheitliches Produkt zu erhalten. Grundsätzlich ist jedes Signalpeptid geeignet, das im entsprechenden Wirtsorganismus die Sekretion des reifen Proteins gewährleistet. Gegebenenfalls kann die Signalsequenz auch vor das für Leu-1 kodierende Triplet gesetzt werden, wobei in diesem Fall erforderlich sein kann, die 10 durch Abspaltung des aus 11 Aminosäuren bestehenden Peptids am N-Terminus entstehende Form von TNF-BP vom nicht oder nicht vollständig prozessierten TNF-BP in einem zusätzlichen Reinigungsschritt zu trennen.

Da die cDNA nach dem Codon für Asn-172, das aufgrund der C-terminalen Analyse den C-Terminus darstellt, kein Stopcodon enthält, wird zweckmäßigerweise im Hinblick auf die Expression von TNF-BP nach 15 dem Codon für Asn 172 durch gerichtete Mutagenese ein Translationsstopcodon eingeführt.

Die für TNF-BP kodierende DNA kann durch Mutation, Transposition, Deletion, Addition oder Verkürzung modifiziert werden, sofern derartig modifizierte DNAs für (Poly)peptide mit der Fähigkeit, TNF zu binden, kodieren. Derartige Modifikationen können z.B. darin bestehen, eine oder mehrere der potentiellen, gegebenenfalls für die biologische Aktivität nicht erforderlichen Glykosylierungsstellen zu verändern, indem 20 z.B. das Asn-Codon durch ein für eine andere Aminosäure kodierendes Triplet ersetzt wird. Unter Berücksichtigung der Erhaltung der biologischen Aktivität können auch Modifikationen vorgenommen werden, die in einer Änderung der Disulfidbrücken (z.B. Verringerung deren Anzahl) resultieren.

Die angeführten DNA-Moleküle stellen somit die Voraussetzung für die Konstruktion rekombinanter DNA-Moleküle dar, die ebenfalls Gegenstand der Erfindung sind. Mit solchen rekombinanten DNA-Molekülen in Form von Expressionsvektoren, enthaltend die für ein Protein mit TNF-BP Aktivität kodierende, gegebenenfalls in geeigneter Weise modifizierte DNA, vorzugsweise mit einer vorgesetzten Signalsequenz, und die für die Expression des Proteins erforderlichen Kontrollsequenzen, können geeignete Wirtsorganismen transformiert, gezüchtet und das Protein gewonnen werden.

Ebenso wie etwaige Modifikationen der DNA-Sequenz erfolgt die Auswahl von für die Expression geeigneten Wirtsorganismen insbesondere im Hinblick auf die biologische Wirkung des Proteins, TNF zu binden. Darüberhinaus gehen die bei der Herstellung rekombinanter Proteine üblichen Kriterien wie Verträglichkeit mit dem gewählten Vektor, Prozessierungsfähigkeit, Isolierung des Proteins, Expressionscharakteristika, Sicherheits- und Kostenaspekte in die Entscheidung über den Wirtsorganismus ein. Die Wahl eines geeigneten Vektors ergibt sich aus dem für die Transformation vorgesehenen Wirt. Grundsätzlich sind 30 alle Vektoren geeignet, die die erfindungsgemäßen für TNF-BP kodierenden DNAs (bzw. Modifikationen davon) replizieren und exprimieren.

Im Hinblick auf die biologische Aktivität des Proteins ist bei der Expression der für TNF-BP kodierenden DNA vor allem der etwaigen Relevanz der beim natürlichen Protein festgestellten Kriterien Glykosylierung und hoher Anteil an Cysteinresten für die Eigenschaft, TNF zu binden, Rechnung zu tragen. 40 Zweckmäßig werden daher für die Expression Eukaryonten, insbesondere geeignete Expressionssysteme höherer Eukaryonten, verwendet.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wurden sowohl transiente als auch permanente Expression von TNF-BP in eukaryotischen Zellen nachgewiesen.

Das erfindungsgemäße rekombinante TNF-B ebenso wie geeignete Modifikationen davon, die die Fähigkeit aufweisen, TNF zu binden, können bei der prophylaktischen und therapeutischen Behandlung des menschlichen oder tierischen Körpers bei Indikationen eingesetzt werden, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF- α auftritt.

Da beim TNF-BP auch eine TNF- β inhibierende Wirkung nachgewiesen wurde, kann es (bzw. die verwandten bzw. modifizierten Polypeptide) in geeigneter Dosierung, gegebenenfalls in im Hinblick auf eine gesteigerte Affinität zu TNF- β modifizierter Form, auch für die Inhibition der Wirkung von TNF- β im Organismus verwendet werden.

Gegenstand der Erfindung sind daher weiters pharmazeutische Zubereitungen, enthaltend eine die biologische Wirkung von TNF- α und/oder TNF- β wirksam hemmende Menge von rekombinantem TNF-BP bzw. einem verwandten Polypeptid mit der Fähigkeit, TNF zu binden.

55 Pharmazeutische Zubereitungen kommen insbesondere für die parenterale Anwendung bei den erwähnten Indikationen, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF auftritt, in Betracht, z.B. in Form von Lyophilisaten oder Lösungen. Diese enthalten TNF-BP oder ein therapeutisch wirksames funktionelles Derivat in therapeutisch wirksamer Menge, gegebenenfalls zusammen mit physiologisch verträglichen

a) Konzentration des Harns

200 l Dialyseharn von Urämiepatienten, aufbewahrt in Flaschen enthaltend EDTA (10 g/l), Tris (6 g/l), NaNO₃ (1 g/l) und Benzamidinhydrochlorid (1 g/l) sowie kühl gelagert, wurden durch Ultrafiltration mittels 5 einem hochdurchlässigen Hämokapillarfilter mit einer asymmetrischen Hohlfasermembran (FH 33H, Gammabro) auf 4.2 l mit einem Proteingehalt von 567 g konzentriert. Der konzentrierte Harn wurde gegen 10mM Tris HCl, pH 3 dialysiert. Während dieses Vorgangs wurde, wie in den nachfolgenden Schritten (außer 30 der Reverse Phase Chromatographie), 1mM/l Benzamidinhydrochlorid zugefügt, um proteolytischem Verlust 10 entgegenzuwirken. Alle nachfolgenden Reinigungsschritte wurden, wenn nicht anders angegeben, bei +4°C durchgeführt.

b) Ionenaustauschchromatographie

15 Dieser Schritt wurde durchgeführt, indem DEAE-Sephadex-Säulen (2.5 x 40 cm) mit Proben konzentrierten und dialysierten Harns, enthaltend je ca. 75 g Protein, beschickt wurden. Eluiert wurde mit 800 ml eines 10 NaCl /10mM Tris:HCl pH-8-Gradienten, wobei die NaCl Konzentration 0 bis 0.4 M betrug. Die das TNF-BP enthaltenden Fraktionen von sieben Säulen mit einem Gesamtproteingehalt von 114 g wurden bei -20°C gelagert.

20

c) Affinitätschromatographie

Zur Herstellung der TNF-Sepharosesäule wurde rTNF- α (15 mg) in 0.1 M NaHCO₃, 1 M NaCl, pH 9 25 (Kopplungspuffer) an 1.5 g cyanogenbromidaktivierte Sepharose 4B (Pharmacia) gekoppelt. Die Sepharose wurde in 1mM HCl gequollen und mit Kopplungspuffer gewaschen. Nach Zusatz von rTNF- α wurde die Suspension 2 Stunden lang bei Raumtemperatur rotieren gelassen. Der Überschuß an CNBr-Gruppen wurde durch eineinhalbstündige Rotation mit 1M Ethanolamin, pH 8 blockiert. Die TNF-Sepharose wurde einige Male abwechselnd in 1M NaCl, 0.1 M Natriumacetat pH 8 und 1 M NaCl, 0.1 M Borsäure pH 4 gewaschen 30 und anschließend in phosphatgepufferter Kochsalzlösung mit 1mM Benzamidinhydrochlorid gelagert. Die aus Schritt b) erhaltenen Fraktionen wurden auf eine Konzentration von 0.2 M NaCl, 10mM Tris:HCl, pH 3 eingestellt. Die TNF-Sepharose wurde in eine Säule gepackt und mit 0.2 M NaCl, 10mM Tris HCl, pH 3 gewaschen und die TNF-BP enthaltenden Fraktionen, entsprechend ca. 30 g Protein, bei einer Durchflußrate von 10 ml/h aufgetragen und ausgiebig mit 0.2 M NaCl, 10mM Tris HCl, pH 8 gewaschen, bis im Eluat 35 bei 280nm keine Absorption mehr nachweisbar war. Anschließend wurde TNF-BP mit 0.2 M Glycin:HCl, pH 2.5 eluiert.

40 TNF-BP enthaltende Fraktionen aus 4 Auf trennungen wurden vereinigt und nach Zusatz von Polyethylenglykol (MG 6000) - bis zu einer Endkonzentration von 10 mg/ml - lyophilisiert. Die lyophilisierte Probe wurde in destilliertem Wasser gelöst und gegen destilliertes Wasser dialysiert. (Die dialysierte Probe (4 ml) wurde in tiefgefrorenem Zustand gelagert.)

45 Dieser Reinigungsschritt brachte gegenüber dem vorangegangenen eine weitere Anreicherung um das ca. 9000 fache. SDS-PAGE (durchgeführt, wie in Vorversuch 2 beschrieben) der TNF-BP enthaltenden Fraktionen zeigte die Elution von drei Hauptkomponenten mit Molekulargewichten von 28 000, 30 000 und 50 000.

45

d) Reverse Phase Chromatographie

Ein aliquoter Anteil (1 ml) der aus Schritt c) erhaltenen Fraktionen mit einem Zusatz von 0.1 % 50 Trifluoressigsäure wurde auf eine ProRPC HR 5/10 Säule (Pharmacia), die an ein FPLC-System (Pharmacia) angeschlossen war, aufgetragen. Die Säule wurde mit 0.1 %iger Trifluoressigsäure equilibriert und bei Raumtemperatur mit einem linearen 15 ml Gradienten von 10 Vol% bis 50 Vol% Acetonitril, 55 enthaltend 0.1 % Trifluoressigsäure, beschickt; die Durchflußrate betrug 0.3 ml/min. Fraktionen von 0.5 ml wurden gesammelt und die Absorption bei 280nm sowie die Aktivität des TNF- α bindenden Proteins mit Hilfe des Kompetitionsbindungs test, wie im Beispiel 1 angegeben bestimmt, wobei jeweils 0.01 µl Probe verwendet wurden. TNF-BP eluierte als ein einziger Aktivitätspeak entsprechend einem scharfen UV-Absorptionspeak.

Dieser letzte Reinigungsschritt brachte eine Zunahme der spezifischen Aktivität um das ca. 29 fache, die

Gesamtzunahme an Aktivität gegenüber dem Ausgangsmaterial (konzentrierter Dialysenarn) betrug das ca. $1,1 \times 10^6$ fache.

SDS-PAGE der reduzierten und nicht reduzierten Probe, durchgeführt wie in Vorversuch 2 angegeben, ergab eine diffuse Bande, die auf das Vorhandensein eines einzigen Polypeptids mit einem Molekulargewicht von ca. 30 000 hinwies. Das diffuse Erscheinungsbild der Bande kann auf das Vorliegen einer oder mehrerer heterogener Glykosylierungen und/oder eines zweiten, in geringer Menge vorhandenen Polypeptids zurückzuführen sein. Die Annahme, dabei könnte es sich um ein Polypeptid mit dem in Vorversuch 3d als N-terminale Sequenz bestimmten N-Terminus handeln, das gegenüber TNF-BP am N-Terminus verlängert ist, wurde durch die Sequenz der cDNA bestätigt, wonach zwischen der Signalsequenz und Asn (Pos.12) ein Abschnitt von 11 Aminosäuren vorliegt, dessen Sequenz mit der N-terminalen Nebensequenz übereinstimmt und der offensichtlich vom prozessierten Protein abgespalten wird.

Vorversuch 2

15

SDS-Polyacrylamidgelektrophorese (SDS-PAGE)

SDS-PAGE wurde nach der Methode von Laemmli (Laemmli, 1970) auf 18 cm langen, 16 cm breiten und 1.5 mm dicken Flachgelen mit 10 Taschen mittels einer LKB 2001 Elektrophorese-Einheit durchgeführt. Der Proteingehalt der Proben aus den Reinigungsschritten c) und d) (Vorversuch 1) wurde mittels Bio-Rad Protein Assay bestimmt bzw. aus der Absorption bei 280 nm berechnet, wobei einer Absorption von 1.0 ein Gehalt von 1 mg TNF-BP/ml zugeordnet wurde.

Die Proben, enthaltend ca. 25 µg Protein (aus Vorversuch 1c) bzw. ca. 5 µg (aus 1d) in reduzierter (β -Mercaptoethanol) und nicht reduzierter Form wurden auf ein 3%iges Sammelgel und ein 5 bis 20%iges lineares Polyacrylamidgradientengel aufgetragen. Die Elektrophorese wurde bei 25mA/Gel ohne Kühlung gefahren. Als Molekulargewichtsmarker (Pharmacia) wurden Phosphorylase B (MG 94 000), Rinderserumalbumin (MG 67 000), Ovalbumin (MG 43 000), Karboanhydrase (MG 30 000), Sojabohnen-Trypsininhibitor (MG 20 100) und α -Laktalbumin (MG 14 400) verwendet. Die Gels wurden mit Coomassie Blue in 7%iger Essigsäure/40%igem Ethanol gefärbt und in 7%iger Essigsäure/25%igem Ethanol entfärbt.

Das Ergebnis der SDS-PAGE zeigte TNF-BP als Polypeptidkette mit einem Molekulargewicht von ca. 30.000.

15 Vorversuch 3

a) Probenvorbereitung

15 15 µg des nach Vorversuch 1d) gereinigten Proteins wurden über Reverse Phase HPLC entsalzt und weiter gereinigt. Dazu wurden eine Bakerbond WP C18 Säule (Baker: 4.6 x 250 mm) und 0.1 %ige Trifluoressigsäure in Wasser (Eluens A) bzw. in Acetonitril (Eluens B) als mobile Phase verwendet. Die Gradientensteigerung betrug 20 bis 68 % Eluens B in 24 min. Die Detektion erfolgte parallel bei 214 nm und bei 280 nm. Die TNF-BP enthaltende Fraktion wurde gesammelt, getrocknet und in 75 µl 70 %iger Ameisensäure gelöst und direkt für die Aminosäuresequenzanalyse verwendet.

b) Aminosäuresequenzanalyse

50 Die automatische Aminosäuresequenzanalyse wurde mit einem Applied Biosystems 477 A Flüssigphasensequenator durch On-line Bestimmung der freigesetzten Phenylthiohydantoin-Derivate mittels Applied Biosystems Analytikator, Modell 120 A PTH, durchgeführt. Sie ergab die folgende N-terminale Sequenz als Hauptsequenz (ca. 30 % der Proteinmenge). Asp-Ser-Val-Xaa-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln. Daneben war folgende Nebensequenz nachzuweisen: Leu-(Val)-(Pro)-(His)-Leu-Gly-Xaa-Arg-Glu. (Die in Klammer stehenden Aminosäuren konnten nicht eindeutig identifiziert werden.)

Vorversuch 4

SDS-PAGE

5 Die Probenvorbereitung wurde wie im Vorversuch 3 durchgeführt mit dem Unterschied, daß die Probenmenge 10 µg betrug. Die Probe wurde in 50 µl Wasser aufgenommen und in 4 Portionen geteilt. 10 Einer der vier aliquoten Teile wurde zur Reinheitsbestimmung mittels SDS-PAGE nach der Methode von Laemmli (24) mit DTT (Dithiothreitol) reduziert und auf Minigelen (Höfer, 55x80x0,75 mm, 15 %) getrennt. 15 als Molekulargewichtsmarker wurde der im Vorversuch 8 angegebene verwendet. Die Färbung erfolgte nach der Methode von Oakley (Oakley, et al., 1986). Das Elektropherogramm ist in Fig. 9 dargestellt. Es zeigt eine einzige Bande bei einem Molekulargewicht von ca. 30 000.

15 Beispiel 1

a) Tryptic Peptide Mapping

20 Etwa 60 µg des nach Vorversuch 1d) gereinigten Proteins wurden über Reverse Phase HPLC entzweit und damit weiter gereinigt. Dazu wurden eine Bakerbond WP C18 Säule (Baker: 4.6 x 250 mm) und 0.1%ige Trifluoressigsäure in Wasser (Eluens A) bzw. in Acetonitril (Eluens B) als mobile Phase verwendet. Die Gradientensteigerung betrug 0 bis 68% Eluens B in 24 min. Die Detektion erfolgte parallel bei 214 nm und bei 280 nm. Die TNF-BP enthaltende Fraktion (Retentionszeit etwa 13.0 min) wurde gesammelt, getrocknet und in 60 µl 1%igem Ammoniumbicarbonat gelöst.

25 Dieser Lösung wurden 1% w/w, entsprechend 0.6 µg Trypsin (Boehringer Mannheim) zugesetzt und die Reaktionsmischung 6 Stunden bei 37 °C inkubiert. Danach wurden nochmals 1% w/w Trypsin zugesetzt und die Inkubation über Nacht fortgesetzt.

30 Zur Reduktion der Disulfidbrücken wurde der Reaktionsansatz anschließend mit 50 µl 6 M Harnstoff und mit 12 µl 0.5 M Dithiothreitol versetzt und 2 Stunden bei Raumtemperatur stehengelassen.

35 Die Auftrennung der entstandenen tryptischen Spaltpeptide erfolgte über Reverse Phase HPLC, wobei eine Delta Pak C18 Säule (Waters, 3.9 x 150 mm, 5 µm Teilchendurchmesser, 100 Å Porendurchmesser) bei 30 °C und 0.1%ige Trifluoressigsäure in Wasser (Eluens A) bzw. in Acetonitril (Eluens B) als mobile Phase verwendet wurden. Die Gradientensteigerung betrug 0 bis 55% Eluens B in 55 min, danach wurde 55% B für 15 min beibehalten. Die Flußrate betrug 1 ml/min, die Detektion erfolgte parallel bei 214 nm (0.5 AUFS) und bei 280 nm (0.05 AUFS).

b) Sequenzanalyse von tryptischen Peptiden

40 Einige der nach a) gewonnenen tryptischen Spaltpeptide von TNF-BP wurden der automatischen Aminosäuresequenzanalyse unterworfen. Dazu wurden die entsprechenden Fraktionen aus der Reverse Phase HPLC gesammelt, getrocknet und in 75 µl 70%iger Ameisensäure gelöst. Diese Lösungen wurden direkt für die Sequenzierung in einem Applied Biosystems 477 A Pulsed Liquid Phase Sequenator eingesetzt. Tab.1 enthält die Ergebnisse der Sequenzanalyse der tryptischen Peptide, wobei die in Klammern angeführten Aminosäuren nicht mit Sicherheit nachgewiesen werden konnten. Die Angabe "Xaa" bedeutet, daß an dieser Stelle die Aminosäure nicht identifiziert werden konnte.

45 In der Fraktion 8 konnte die Aminosäure in Position 6 nicht identifiziert werden. Die Sequenz -Xaa-Asn-Ser- für die Position 6-8 läßt vermuten, daß die Aminosäure 6 in glykosylierter Form vorliegt.

50 In der Fraktion 17 konnte die Aminosäure in Position 6 ebenfalls nicht identifiziert werden. Die Sequenz -Xaa-Asn-Ser- (bereits in Fraktion 8 auftretend) für die Positionen 6 bis 8 läßt vermuten, daß die Aminosäure 6 in glykosylierter Form vorliegt. Die ersten 13 Aminosäuren der Fraktion 17 sind weitgehend identisch mit der Fraktion 8; bei Fraktion 17 dürfte es sich somit um ein Peptid handeln, das durch unvollständige tryptische Spaltung entstanden ist.

55 Auffallend ist die Identität der Fraktion 21 mit den Positionen 7 bis 14 der Fraktion 27. Sowohl in Fraktion 21 als auch in Fraktion 27 bricht die Sequenz nach der Aminosäure Asparagin (Position 3 bzw. 14) plötzlich ab, obwohl hier keine tryptische Spaltung zu erwarten ist. Dies ist ein Hinweis darauf, daß die Aminosäure Asparagin (Position 3 in Fraktion 21 bzw. Position 14 in Fraktion 27) die C-terminale

Aminosäure von TNF-8P sein könnte.

Auffallend ist die weitgehende Identität der Sequenz der nur in geringer Menge auftretenden Fraktion 12 mit der in Vorversuch 10 bestimmten Nebensequenz des N-Terminus. Daß die Proteine der Haupt- und Nebensequenz auf einer analytischen Reverse Phase HPLC-Säule (Vorversuch 3b) nicht trennbar waren, lieferte einen Hinweis dafür, daß es sich bei dem Protein mit der Nebensequenz um eine am N-Terminus verlängerte Form des TNF-8P handelt, die durch Prozessierung zum Großteil in das Protein mit der Hauptsequenz überführt wird.

Fraktion Aminosäuresequenz

10

1 Asp - Ser - Val - Cys - Pro - Gln - Gly - Lys

15

2 Xaa - Xaa - Leu - Ser -(Cys)- Ser - Lys

20

3 Asp - Thr - Val - (Cys)- Gly -(Cys)- Arg

25

30

35

40

45

50

55

4 Glu - Asn - Glu - (Cys)- Val - Ser - (Cys) -
 Ser - Asn -(Cys) - Lys

5 Glu - Asn - Glu -(Cys)- Val - Ser - (Cys)-
 (Ser)- Asn - (Cys)- Lys - (Lys)

10 8 Tyr - Ile - His - Pro - Gln - Xaa - Asn - Ser
 - Ile - Xaa - Xaa - Xaa - Lys

15 11 Glu - Cys - Glu - Ser - Gly - Ser - Phe - Thr
 - Ala - Ser - Glu - Asn -(Asn) - (Lys)

20 12 Leu - Val - Pro - His - Leu - Gly - Asp - Arg

25 13 Lys - Glu - Met - Gly - Gln - Val - Glu - Ile
 - Ser - Ser - (Cys)- Thr - Val - Asp - (Arg)

30 14/I Gly - Thr - Tyr - Leu - Tyr - Asn - Asp - Cys
 - Pro - Gly - Pro - Gly - Gln -

35 14/II (Glu) - Met - Gly - Gln - Val -(Glu)- (Ile) -
 (Ser)- Xaa - Xaa - Xaa - (Val) -(Asp)-

40 15 Lys - Glu - Met - Gly - Gln - Val - Glu - Ile
 - Ser - Ser - (Cys) - Thr - Val - Asp - Arg -
 Asp - Thr - Val - (Cys) - Gly -

45 17 Tyr - Ile - His - Pro - Gln - Xaa - Asn - Ser
 - Ile - (Cys) - (Cys)- Thr - Lys - (Cys) - His
 - Lys - Gly - Xaa - Tyr -

50 20 Gly - Thr - Tyr - Leu - Tyr - Asn - Asp - Cys
 - Pro - Gly - Pro - Gly - Gln - Asp - Thr -
 Xaa - Xaa - Arg

21 Leu - (Cys) - Leu - Pro - Gln - Ile - Glu -
Asn

26 Gln - Asn - Thr - Val -(Cys)- Thr - Xaa -
(His)- Ala - Gly - Phe - (Phe) - Leu - (Arg)

27 Ser - Leu - Glu - (Cys) - Thr - Lys - Leu -
(Cys)- Leu - Pro - Gln - Ile - Glu - Asn

15 **Tabelle 1:** Aminosäuresequenzen der analysierten
tryptischen Peptide von TNF-BP

20

Beispiel 2

25 Analyse des C-Terminus

Diese Analyse wurde nach dem Prinzip der in (Hsieng et al., 1988) beschriebenen Methode durchgeführt.

Etwa 60 µg des nach Vorversuch 2d) gereinigten Proteins wurden über Reverse Phase HPLC entsalzt und damit weiter gereinigt. Dazu wurden eine Bakerbond WP C18 Säule (Baker: 4.6 x 250 mm) und 0.1%ige Trifluoressigsäure in Wasser (Eluens A) bzw. in Acetonitril (Eluens B) als mobile Phase verwendet. Die Gradientensteigerung betrug 20 bis 68% Eluens B in 24 min. Die Detektion erfolgte parallel bei 214 nm und bei 280 nm. Die TNF-BP enthaltende Fraktion (Retentionszeit etwa 13.0 min) wurde gesammelt, getrocknet und in 120 µl 10 mM Natriumacetat (auf pH 4 gestellt mit 1 N HCl) gelöst.

35 Dieser Lösung wurden 6 µl Brij 35 (10 mg/ml in Wasser) sowie 1.5 µl Carboxypeptidase P (0.1 mg/ml in Wasser, Boehringer Mannheim, Nr. 810142) zugesetzt. Das entspricht einem Gewichtsverhältnis Enzym zu Protein von 1 zu 400 (Frohman et al., 1988).

40 Sofort nach Zusatz des Enzyms wurde eine Probe von 20 µl der Reaktionsmischung entnommen und darin die enzymatische Reaktion durch Ansäuern mit 2 µl konzentrierter Trifluoressigsäure und durch Gefrieren bei -20 °C unterbrochen.

45 Die Reaktionsmischung wurde im Kühlschrank (ca. 8 °C) stehengelassen und Proben zu je 20 µl nach 10, 20, 60 und 120 Minuten entnommen. Der Rest der Reaktionsmischung wurde weitere 120 Minuten bei Raumtemperatur belassen. Alle Proben wurden sofort nach der Entnahme durch Zusatz von 2 µl konzentrierter Trifluoressigsäure angesäuert und bei -20 °C eingefroren, wodurch die enzymatische Reaktion unterbrochen wurde.

50 Parallel zum beschriebenen Probenansatz mit etwa 60 µg TNF-BP wurde unter identischen Bedingungen ein Reagentienblindwert angesetzt, dem kein Protein zugesetzt worden war.

Nach der letzten Probennahme wurden alle Proben 30 Minuten lang in einem Speed Vac Concentrator getrocknet, mit 10 µl einer Lösung aus 2 Teilen Äthanol, 2 Teilen Wasser und 1 Teil Triäthylamin (= "Redrying solution" des Picotag-Aminosäureanalysesystems der Fa. Waters) versetzt und nochmals kurz getrocknet. Danach wurden die Proben zur Derivatisierung der vom C-Terminus abgespaltenen Aminosäuren mit je 20 µl des "Derivatisation Reagens" (7:1:1:1 = Äthanol : Wasser : Triäthylamin : Phenylisothiocyanat: Picotag-System) versetzt, 20 Minuten bei Raumtemperatur stehen gelassen und dann 1 Stunde in einem Speed Vac Concentrator getrocknet.

55 Zur Analyse der derivatisierten Aminosäuren wurden die Proben in 100 µl "Sample Diluent" (Picotag-System der Fa. Waters) gelöst. Von diesen Lösung wurden je 50 µl mit Reverse Phase HPLC (Säule, System der Fa. Waters) gelöst. Von diesen Lösung wurden je 50 µl mit Reverse Phase HPLC (Säule, System der Fa. Waters) analysiert. Die mobile Phase und Gradient nach Originalvorschrift des Picotag-Systems der Fa. Waters) analysiert. Die Chromatogramme der Proben und Reagentienblindwerte wurden mit dem Chromatogramm eines analog

derivatisierten Gemisches (100 pMol/Aminosäure) von Standardaminoäuren (Fa. Beckman) verglichen.

Wie aus den quantitativen Ergebnissen der Picotag-Aminosäureanalyse (Tabelle 2) ersichtlich ist, ist Asparagin mit hoher Wahrscheinlichkeit die C-terminale Aminosäure von TNF-8P. Neben Asparagin konnten nach 240 Minuten Reaktionszeit auch Glutaminsäure und in geringerer Menge Isoleucin nachgewiesen werden. Signifikant über dem Reagenzienblindwert liegende Mengen von anderen Aminosäuren konnten auch nach 240 Minuten Reaktionszeit nicht gefunden werden. Dieses Ergebnis (-Ile-Glu-Asn als C-Terminus) bestätigt die aus der N-terminalen Sequenzierung der tryptischen Peptide 21 und 27 abgeleitete Vermutung, daß die bei diesen Peptiden C-terminal identifizierten Aminosäuren - Ile-Glu-Asn (Beispiel 1) den C-Terminus von TNF-8P darstellen.

Tabelle 2:

	Reaktionszeit			Integratoreinheiten für die Aminosäuren
	Isoleucin	Glutaminsäure	Asparagin	
0	-	-	-	-
10	-	-	-	-
20	-	-	-	83.304
60	-	-	-	168.250
120	-	-	-	319.470
240	85.537	152.350	-	416.570

Quantitative Auswertung der Picotag-Aminosäureanalyse
nach Reaktion von Carboxypeptidase P mit TNF-8P

Methoden zu den Beispielen 3 bis 7:

In den nachfolgenden Beispielen wurden, sofern nicht ausdrücklich anders angegeben, molekularbiologische Standardmethoden verwendet, die einschlägigen Handbüchern entnommen werden können bzw. den von den Herstellern empfohlenen Bedingungen entsprechen. Um die Beschreibung der nachfolgenden Beispiele zu vereinfachen, werden oft wiederkehrende Methoden bzw. Bezeichnungen kurz beschrieben:

"Schneiden" oder "Verdauen" von DNA bezieht sich auf die katalytische Spaltung der DNA mittels Restriktionsendonukleasen (Restriktionsenzymen) an für diese spezifischen Stellen (Restriktionsstellen). Restriktionsendonukleasen sind käuflich erhältlich und werden unter den von den Herstellern empfohlenen Bedingungen (Puffer, Rinderserumalbumin (BSA) als Trägerprotein, Dithiothreit (DTT) als Oxidationschutz) eingesetzt. Restriktionsendonukleasen werden mit einem Großbuchstaben, meist gefolgt von Kleinbuchstaben und normalerweise einer römischen Ziffer, bezeichnet. Die Buchstaben hängen von dem Mikroorganismus ab, aus dem die betreffende Restriktionsendonuklease isoliert wurde (z.B.: Sma I: *Serratia marcescens*). Üblicherweise wird etwa 1 µg DNA mit einer oder mehreren Einheiten des Enzyms in etwa 20 µl Pufferlösung geschnitten. Normalerweise wird eine Inkubationsdauer von 1 Stunde bei 37 °C verwendet, kann aber laut den Verwendungsvorschriften des Herstellers variiert werden. Nach dem Schneiden wird manchmal die 5' Phosphatgruppe durch Inkubation mit alkalischer Phosphatase aus Kalbsdarm (CIP) entfernt. Dies dient zur Verhinderung einer ungewünschten Reaktion der spezifischen Stelle in einer nachfolgenden Ligasereaktion (z.B. Zirkularisierung eines linearisierten Plasmids ohne Insertierung eines zweiten DNA-Fragments). Wenn nicht anders angegeben, werden DNA-Fragmente nach dem Schneiden mit Restriktionsendonukleasen normalerweise nicht dephosphoryliert. Reaktionsbedingungen für die Inkubation mit alkalischer Phosphatase sind z.B. dem M13 Cloning and Sequencing Handbuch (Cloning and Sequencing Handbook, Fa Amersham, PI/129/83/12) zu entnehmen. Nach der Inkubation wird Protein durch Extraktion mit Phenol und Chloroform entfernt und die DNA aus der wäßrigen Phase durch Zusatz von Äthanol präzipitiert.

"Isolierung" eines bestimmten DNA Fragments bedeutet die Auftrennung der durch den Restriktionsverdau erhaltenen DNA-Fragmente, z.B. auf einem 1% Agarosegel. Nach der Elektrophorese und dem Sichtbarmachen der DNA im UV-Licht durch Anfärben mit Äthidiumbromid (EtBr) wird das gewünschte Fragment anhand mitaufgetragener Molekulargewichtsmarker lokalisiert und durch weitere Elektrophorese

an DE 31 Papier (Schleicher und Schüll) geounden. Die DNA wird durch Spülen mit Niedrigsalzuffer (200 mM NaCl, 20 mM Tris pH = 7.5, 1 mM EDTA) gewaschen und anschließend mit einem Hochsalzuffer (1 M NaCl, 20 mM Tris pH = 7.5, 1 mM EDTA) eluiert. Die DNA wird durch Zusatz von Äthanol präzipitiert.

"Transformation" bedeutet das Einringen von DNA in einen Organismus, so daß die DNA dort replizierbar ist, entweder extrachromosomal oder chromosomal integriert. Transformation von E.coli folgt der im M13 Cloning and Sequencing Handbuch (Cloning and Sequencing Handbook, Fa. Amersham, PI. 129 83, 12) angegebenen Methode.

"Sequenzieren" einer DNA bedeutet die Bestimmung der Nukleotidsequenz. Dazu wird zunächst die zu sequenzierende DNA mit verschiedenen Restriktionsenzymen geschnitten, und die Fragmente werden in entsprechend geschnittene M13 mp8, mp9, mp18 oder mp19 Doppelstrang DNA eingebracht, oder es werden die DNA mittels Ultraschall fragmentiert, die Enden repariert und die größenselektionierten Fragmente in Sma I geschnittene, dephosphorylierte M13 mp8 DNA eingebracht (Shotgun Methode). Nach der Transformation von E.coli JM 101 wird Einzelstrang DNA aus rekombinanten M13 Phagen entsprechend dem M13 Cloning and Sequencing manual (Cloning and Sequencing Handbook, Fa Amersham, PI/129/83/12) isoliert und nach der Dideoxymethode (Sanger et al., 1977) sequenziert. Als Alternative zur Verwendung des Klenowfragment der E.coli DNA Polymerase I bietet sich dabei die T7-DNA Polymerase an ("Sequenase, Fa. United States Biochemical Corporation). Die Sequenzreaktionen werden entsprechend dem Handbuch "Sequenase: Step-by-Step Protocols for DNA Sequencing With Sequenase" (Version 2.0) durchgeführt.

20 Eine weitere Sequenzierungsmethode besteht im Klonieren der zu sequenzierenden DNA in einen Vektor, der unter anderem einen Replikationsursprung eines DNA-Einzelstrangphagen (M13, II) trägt (z.B. Bluescribe oder Bluescript M13 von Stratagene). Nach Transformation von E.coli JM101 mit dem rekombinanten Molekül können die Transformanten mit einem Helperphagen, z.B. M13K07 oder R408 von Promega) infiziert werden. Als Resultat erhält man eine Mischung aus Helperphagen und verpacktem, einzelsträngigem rekombinanten Vektor. Die Aufarbeitung der Sequenzvorlage (Template) erfolgt in Analogie zu der M13 Methode. Doppelsträngige Plasmid-DNA wurde entsprechend dem oben angeführten Sequenzierhandbuch durch Alkalibehandlung denaturiert und direkt sequenziert.

Die Auswertung der Sequenzen erfolgte mittels der ursprünglich von R. Staden (Staden et al., 1982) entwickelten und von Ch. Pieler (Pieler, 1987) modifizierten Computerprogramme.

25 30 "Ligieren" bezieht sich auf den Prozeß der Bildung von Phosphodiesterbindungen zwischen zwei Enden von Doppelstrang-DNA Fragmenten. Üblicherweise werden zwischen 0.02 und 0.2 µg DNA-Fragmente in 10 µl mit etwa 5 units T4-DNA Ligase ("Ligase") in einer geeigneten Pufferlösung ligiert (Maniatis et al., 1982). "Präparation" von DNA aus Transformanten bedeutet die Isolierung der Plasmid DNA aus Bakterien mittels der alkalischen SDS Methode, modifiziert nach Birnboim und Doly, unter Weglassen des Lysozyms. Dabei werden die Bakterien aus 1.5 bis 50 ml Kultur verwendet.

35 40 "Oligonukleotide" sind kurze Polydesoxynukleotide, die chemisch synthetisiert werden. Dazu wurde der Applied Biosystems Synthesizer Modell 381A verwendet. Die Oligonukleotide werden entsprechend dem Modell 381A User Manual (Applied Biosystems) aufgearbeitet. Sequenzprimer werden ohne weitere Reinigung direkt eingesetzt. Andere Oligonukleotide werden bis zu einer Kettenlänge von 70 durch die "OPC"-Methode gereinigt (OPC = Oligonucleotid purification column, Applied Biosystems, Product Bulletin, January 1988). Längere Oligonukleotide werden durch Polyacrylamidgelectrophorese (6% Acrylamid, 0.15% Bisacrylamid, 6 M Harnstoff, TBE-Puffer) gereinigt und nach der Elution aus dem Gel über eine G-25 Sepharosesäule entsalzt.

45 Beispiel 3

Herstellung von TNF-BP-spezifischen Hybridisierungssonden

50 55 Die Auswahl der Oligonukleotide wurde im Hinblick auf deren Verwendung zur Amplifizierung von cDNA mittels PCR getroffen:

a) Aus der N-terminalen Aminosäuresequenz des TNF-Bindungsproteins (Hauptsequenz, erhalten aus Vorversuch 3 und Beispiel 1, Fraktion 1)

55 Asp-Ser-Val-Cys-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln- wurde ein Heptapeptid-Bereich ausgewählt, der die niedrigste Komplexität eines gemischten Oligonukleotids zum Hybridisieren an cDNA zuläßt: Es sind dies die Aminosäuren 6 bis 12. Um die Komplexität des Mischoligonukleotids herabzusetzen, wurden vier Mischoligonukleotide mit einer Komplexität von jeweils 48

hergestellt. Die Oligonukleotide wurden in Richtung der mRNA hergestellt, sie sind somit zum 3' Ende der Sequenz orientiert und identisch mit dem nichtkodierenden Strang des TNF-BP-Gens:

5 Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro

5

5'CAA GGT AAA TAT ATT CAT CC 3' TNF-BP #3/1 EBI-1639

10

G G C C C
A

10

5'CAA GGC AAA TAT ATT CAT CC 3' TNF-BP #3/2 EBI-1640

15

G G C C C
A

20

5'CAA GGA AAA TAT ATT CAT CC 3' TNF-BP #3/3 EBI-1641

G G C C C
A

25

5'CAA GGG AAA TAT ATT CAT CC 3' TNF-BP #3/4 EBI-1642

25

G G C C C
A

30

b) Aus der Aminosäuresequenz eines tryptischen Peptides (Fraktion 11 des tryptischen Verdaus) der Aminosäuresequenz
Glu-Cys-Glu-Ser-Gly-Ser-Phe-Thr-Ala-Ser-(GluCys)-Asn-Asn-Lys (vgl. Beispiel 1)
wurde ein Peptid-Bereich ausgewählt und ein weiterer Satz von Mischoligonukleotiden synthetisiert:

35

40

45

50

55

-Phe-Thr-Ala-Ser-Glu-Asn-Asn-Lys
Cys

5 TNF-BP #4/5 (EBI-1653):

3'AAA TGA CGG AGA CTC TTG TTG TT CCTAGGG 5'
G G T T T
T

10 TNF-BP #4/6 (EBI-1654):

3'AAA TGA CGG TCA CTC TTG TTG TT CCTAGGG 5'
G G T G T
T

15 TNF-BP #4/7 (EBI-1657):

20 3'AAA TGA CGG AGA ACA TTG TTG TT CCTAGGG 5'
G G T T G
T

25 TNF-BP #4/8 (EBI-1658):

3'AAA TGA CGG TCA ACA TTG TTG TT CCTAGGG 5'
G G T G G
T

35 Die Oligonukleotide wurden komplementär zur mRNA synthetisiert und sind somit zum 5' Ende der Sequenz orientiert. Um das amplifizierte DNA-Fragment im Anschluß an die PCR effizient klonieren zu können, wurde auch ein BamHI-Linker am 5' Ende der Oligonukleotide vorgesehen. Werden z.B. die Oligonukleotide TNF-BP #4/5-8 gemeinsam mit TNF-BP #3/1-4 für die PCR an der gesamten λ -DNA einer Bibliothek eingesetzt, kann ein etwa resultierendes DNA Fragment mit BamHI nachgeschnitten werden. Die Partner-Oligonukleotide ergeben ein gerades Ende am 5' Terminus, das Fragment kann somit in die SmaI-40 BamHI-Stellen eines geeigneten Vektors kloniert werden.

40 Jedes Mischoligonukleotid TNF-BP #4/5 bis 8 ist eine Mischung aus 48 Einzelnukleotiden und berücksichtigt einige Codons nicht, und zwar:

45 Thr ACG
Ala GCG und GCT
Ser TCG und TCC
Asn AAT

50 Bei GCT wird die Möglichkeit in Betracht gezogen, daß das zu GCG (Ala) komplementäre Triplet CCG durch Ausbildung einer G-T Brücke wirksam sein kann, bei TCG (Ser) und AAT (Asn) gilt dasselbe bezüglich AGT bzw. TTG.

55 ACG, GCG und TCG sind äußerst seltene Codons (CG-Regel) und wurden deshalb nicht berücksichtigt.

Beispiel 4

55 Amplifizierung einer für TNF-BP kodierenden Teilsequenz aus einer cDNA-Bibliothek.

a) Isolierung von λ -DNA einer cDNA Bibliothek

Die Herstellung der cDNA Bibliothek erfolgte nach der in der EP-A1-0293 567 für die humare plazentale cDNA Bibliothek beschriebenen Methode mit dem Unterschied, daß als Ausgangsmaterial 10⁵ Fibrosarkomzellen der Zelllinie HS 913 T, die unter Stimulierung mit humanem TNF- α (10 ng/ml) hochgezüchtet worden waren, verwendet wurden. Statt λ gt10 wurde λ gt11 verwendet (cDNA Synthese: Amersham RPN 1256; EcoRI verdaute λ gt11 Arms: Promega Biotech; in vitro Verpacken der ligierten DNA: Gigapack Plus, Stratagene).

5 ml des Phagenüberstandes der amplifizierten cDNA Bibliothek der humanen Fibrosarkom Zelllinie HS913T in λ gt11 wurden mit 0.5 μ g RNase A und 0.5 μ g DNase I versetzt und eine Stunde bei 37°C inkubiert. Die Mischung wurde 10 min bei 5000xg zentrifugiert, der Überstand durch Extraktion mit Phenol und Chloroform von Protein befreit und die DNA aus der wässrigen Phase durch Zusatz von Ethanol präzipitiert. Die λ -DNA wurde in TE-Puffer (10 mM Tris pH = 7.5; 1 mM EDTA) gelöst.

15 b) PCR Amplifizierung einer TNF-BP Sequenz aus einer cDNA Bibliothek

Für die Anwendung der PCR (Saiki et al., 1988) auf DNA der HS913T cDNA Bibliothek wurden 16 Einzelreaktionen durchgeführt, in welchen jeweils eines der 4 Mischoligonukleotide EBI-1639, EBI-1640, 20 EBI-1641, EBI-1642 als erster Primer und eines der vier Mischoligonukleotide EBI-1653, EBI-1654, EBI-1657, EBI-1658 als zweiter Primer eingesetzt wurde. Jedes dieser Mischoligonukleotide enthält 48 verschiedene Oligonukleotide gleicher Länge.

25 Die Amplifizierung mittels PCR fand in 50 μ l Reaktionsvolumen, enthaltend 250 ng λ -DNA der cDNA-Bibliothek, 50 mM KCl, 10 mM Tris pH = 8.3, 1.5 mM MgCl₂, 0.01% Gelatine, 0.2 mM jedes der 4 desoxy-Nukleosidtriphosphate (dATP, dGTP, dCTP, dTTP), je 200 pMol erster und zweiter Primer, 1.25 Einheiten Taq Polymerase (Perkin-Elmer Cetus) statt. Um ein Verdunsten zu verhindern, wurde die Lösung mit einigen Tropfen Mineralöl (0.1 ml) überschichtet. Die PCR wurde in einem DNA Thermal Cycler (Perkin Elmer Cetus) folgendermaßen durchgeführt: Die Proben wurden 5 Minuten auf 94°C erhitzt, um die DNA zu denaturieren, und anschließend 40 Amplifikationszyklen unterworfen. Ein Zyklus bestand aus 40 Sekunden Inkubation bei 94°C, 2 Minuten Inkubation bei 55°C und 3 Minuten Inkubation bei 72°C. Am Ende des letzten Zyklus wurden die Proben für weitere 7 Minuten bei 72°C inkubiert, um sicherzustellen, daß die letzte Primer-Verlängerung vollständig verläuft. Nach Abkühlen auf Raumtemperatur wurden die Proben mit Phenol und Chloroform von Protein befreit und die DNA mit Äthanol präzipitiert.

35 5 μ l jeder der 16 PCR-Proben wurden auf ein Agarosegel aufgetragen und die Länge der amplifizierten DNA-Fragmente nach elektrophoretischer Auftrennung bestimmt. Die stärkste DNA Bande, ein Fragment von 0.16 kb Länge, war in den PCR-Proben zu sehen, die mit dem Oligonukleotid EBI-1653 als erstem Primer und einem der Oligonukleotide EBI-1639, EBI-1640, EBI-1641 oder EBI-1642 als zweitem Primer amplifiziert worden waren. Da die mit dem Primerpaar EBI-1653 und EBI-1642 amplifizierte Probe die größte Menge an diesem 0.16 kb DNA-Fragment enthielt, wurde diese Probe für die weitere Aufarbeitung 40 ausgewählt.

Beispiel 5:

45 Klonierung und Sequenzierung eines durch PCR Amplifikation gewonnenen DNA-Fragments

Das erhaltene PCR-Produkt der Primer EBI-1642 und EBI-1653 wurde mit BamHI geschnitten und nachfolgend elektrophoretisch in einem Agarosegel (1.5% Nusieve GTG Agarose plus 1% Seakem GTG Agarose, FMC Corporation) nach der Größe aufgetrennt. Die Hauptbande, ein DNA Fragment von 0.16 kb Länge, wurde aus dem Gel elektroeluiert und mit Ethanol präzipitiert. Dieses DNA Fragment wurde mit BamHI/SmaI geschnittenem Plasmid pUC18 (Pharmacia) ligiert und E. coli JM101 mit dem Ligationsgeschwindigkeits transformiert. Die nach der Minipräparationsmethode hergestellten Plasmide wurden durch Schneiden mit den Restriktionsenzymen PvuII und EcoRI-BamHI und nachfolgender Elektrophorese in Agarosegelen charakterisiert. Das Plasmid pUC18 enthält zwei Schnittstellen für PvuII, die in einem 0.32 kb DNA-55 Fragment die Polyklonierstelle flankieren. Sehr kurze DNA-Inserts in der Polyklonierstelle des Plasmids können nach Schneiden mit PvuII leichter im Agarosegel sichtbar gemacht werden, da sich die Länge um 0.32 kb vergrößert. Durch Schneiden mit EcoRI und BamHI kann das in den mit BamHI und SmaI

geschnittenen Plasmidvektor ligierte DNA-Fragment inklusive einiger Basenpaare der Polylinkersequenz erhalten werden. Ein Klon mit dem gewünschten Insert wurde als pTNF-BP3B bezeichnet. Das gesamte DNA-Insert dieses Klons wurde nach Subklonieren eines EcoRI-BamHI Fragments in M13mp18 (Pharmacia) nach der modifizierten Dideoxy Methode mit Sequenase (United States Biochemical Corporation) sequenziert.

Die Analyse der durch PCR-amplifizierten DNA ergab folgende Sequenz (nur der nicht kodierende Strang ist abgedruckt, darüber die abgeleitete Aminosäuresequenz):

10	5	10												
	Gln	Gly	Lys	Tyr	Ile	His	Pro	Gln	Asn	Asn	Ser	Ile	Cys	
	CAG	GGG	AAA	TAT	ATT	CAC	CCT	CAA	AAT	AAT	TCG	ATT	TGC	
15	15	20	25											
	Cys	Thr	Lys	Cys	His	Lys	<u>Gly</u>	<u>Thr</u>	<u>Tyr</u>	<u>Leu</u>	<u>Tyr</u>	<u>Asn</u>	<u>Asp</u>	
	TGT	ACC	AAG	TGC	CAC	AAA	GGA	ACC	TAC	TTG	TAC	AAT	GAC	
20	30	35												
	<u>Cys</u>	<u>Pro</u>	<u>Gly</u>	<u>Pro</u>	<u>Gly</u>	<u>Gln</u>	<u>Asp</u>	<u>Thr</u>	<u>Asp</u>	<u>Cys</u>	<u>Arg</u>	<u>Glu</u>	<u>Cys</u>	
	TGT	CCA	GGC	CCG	GGG	CAG	GAT	ACG	GAC	TGC	AGG	GAG	TGT	
25	40	45	50											
	Glu	Ser	Gly	Ser	Phe	Thr	Ala	Ser	Glu	Asn	Asn	Lys		
	GAG	AGC	GGC	TCC	TTC	ACA	GCC	TCA	GAA	AAC	AAC	AAG	GAT	CC
30														

Die ersten 20 und die letzten 29 Nukleotide (in Kursivschrift) entsprechen den Sequenzen der Primer-Oligonukleotide EBI-1642 bzw. dem Komplement von EBI-1653. Die Aminosäuren 38 bis 43 bestätigen die restliche Sequenz des tryptischen Peptides 11.

35 Weiters enthält das mittels PCR erzeugte DNA-Fragment die Sequenz des Peptides der Fraktion 20 des tryptischen Verdaus (Aminosäuren 20 bis 34, unterstrichen). Damit ist erwiesen, daß der Klon pTNF-BP3B von einer cDNA abgeleitet wurde, die für TNF-Bindungsprotein kodiert. pTNF-BP3B stellt damit eine Sonde, z.B. zum Durchsuchen von cDNA-Bibliotheken nach TNF-BP cDNAs, dar.

40

Beispiel 6:

45 Isolierung von TNF-BP cDNA Klonen

Ca. 720.000 Phagen der HS913T cDNA Bibliothek in λ gt11 wurden auf E.coli Y1088 (Δ lacU169, pro::Tn5, tonA2, hscR, supE, supF, met8, trpR, F⁻, λ ⁻, (pMC9)) plattiert (ca. 60.000 Phagen pro 14.5 cm Petrischale, LB-Agar: 10 g/l Trypton, 5 g/l Hefeextrakt, 5 g/l NaCl, 1.5% Agar, Plattieren in Top-Agarose: 10 g/l Trypton, 8 g/l NaCl, 0.8% Agarose). Von jeder Platte wurden zwei Nitrozellulosefilter-Abzüge hergestellt. Die Filter wurden vorgewaschen (16 Stunden bei 65 °C) in:

50 mM Tris:HCl pH = 8.0
 1 M NaCl
 1 mM EDTA
 55 0.1 % SDS

Die Filter wurden zwei Stunden bei 65 °C prähybridisiert in:

5x SSC (0.9M NaCl, 0.09 M tri-Na-citrat)
 5x Denhardt's (0.1% Ficoll, 0.1% Polyvinylpyrrolidon, 0.1% BSA (= Rinderserumalbumin))

0.1% SDS

Herstellung der radioaktiv markierten Sonde:

5 λ TNF-BP 38 wurde mit BamHI und EcoRI doppelt geschnitten und das ca. 0.16 kb Insert isoliert. 0.6 μ g des Inserts in 32 μ l werden bei 100 °C denaturiert und mit je 60 pMol E3I-1642 und E3I-1653 durch.....
Abkühlen auf 80 °C über 10 Minuten und jähes Abkühlen in Eiswasser geprämt. Nach Zusatz von
10 μ l α -³²P-dCTP (100 μ Ci, 3.7 MBq)

10 5 μ l 10x Priming Puffer (0.1 M Tris.HCl pH = 8.0, 50 mM MgCl₂)
2 μ l je 1mm dATP, dGTP, dTTP
1 μ l PolIK (Klenow Fragment der E.coli DNA Polymerase I, 5 Einheiten)
wurde 90 Minuten bei Raumtemperatur inkubiert. Nach Hitzeinaktivierung (10 Minuten auf 70 °C) erfolgte
das Abtrennen der nichteingebauten Radioaktivität durch Chromatographie über Biogel P6DG (Biorad) in TE
Puffer (10 mM Tris.HCl pH = 8, 1 mM EDTA). Eingebaut wurden 65x10⁶ cpm.

15 Das Hybridisieren der Filter erfolgte in einem Gesamtvolumen von 80 ml 6xSSC:5X Denhardt's:0.1% SDS
plus hitzedenaturierter Hybridisiersonde während 16 Stunden bei 65 °C.
Die Filter wurden zweimal 30 Minuten bei Raumtemperatur in 6xSSC:0.01% SDS und einmal 45 Minuten
bei Raumtemperatur in 2xSSC:0.01% SDS und dreimal 30 Minuten bei 65 °C in 2xSSC:0.01% SDS
20 gewaschen. Die Filter wurden luftgetrocknet und anschließend an Amersham Hyperfilm 16 Stunden unter
Verwendung einer Verstärkerfolie bei -70 °C exponiert. Insgesamt wurden 30 hybridisierende Plaques
identifiziert (λ -TNF-BP #1-30).
Die Regionen mit den hybridisierenden Plaques wurden möglichst präzise ausgestochen, und die Phagen
in 300 μ l SM Puffer plus 30 μ l Chloroform eluiert.

25 Durch "Plaquereinigung" (Plattieren von ca. 200 Phagen pro 9 cm Petrischale beim zweiten Durchgang,
bzw. ca. 20 Phagen pro 9 cm Petrischale beim dritten Durchgang, Filterabzüge doppelt, Vorbereiten,
Hybridisieren und Waschen wie beim erstmaligen Durchsuchen beschrieben) wurden letztlich 25 hybridisie-
rende Phagen vereinzelt (λ -TNF-BP #1-10, 12-24, 29,30).

30 Darstellung der rekombinanten λ -DNA von den Klonen λ -TNF-BP #13, 15, 23, 30:

2x10⁴ Phagen wurden auf E.coli Y1088 in Topagarose (10 g/l Trypton, 8 g/l NaCl, 0.8% Agarose)
plattierte (14.5 cm Petrischale mit LB-Agarose (1.5% Agarose, 0.2% Glucosa, 10 mM MgSO₄, 10 g/l Trypton,
35 5 g/l Hefeextrakt, 5 g/l NaCl) und 6 Stunden bei 37 °C inkubiert. Nach Abkühlen der Platten (30 Minuten bei
4 °C) wurde mit 10 ml λ -Oiluent (10 mM Tris.HCl pH = 8.0, 10 mM MgCl₂, 0.1 mM EDTA) überschichtet und
16 Stunden bei 4 °C eluiert. Der Überstand wurde in 15 ml Corex Röhrchen transferiert und 10 Minuten bei
15000 rpm und 4 °C zentrifugiert (Beckman J2-21 Zentrifuge, JA20 Rotor). Der Überstand wurde in 10 ml
Polycarbonat-Röhrchen dekantiert und bei 50000 rpm, 20 °C bis $\omega^2 t = 3 \times 10^10$ zentrifugiert (Beckman L3-70,
40 50 Ti Rotor). Das Pellet wurde in 0.5 ml λ -Oiluent resuspendiert und in Eppendorf Röhrchen (1.4 ml)
transferiert. Nach Zusatz von 5 μ g RNase A und 0.5 μ g DNaseI und Inkubation bei 37 °C während 30
Minuten und Zusatz von 25 μ l 0.5 M EDTA, 12.5 μ l 1 M Tris.HCl pH = 8.0, 6.5 μ l 20% SDS erfolgte weitere
Inkubation bei 70 °C für 30 Minuten. Die λ -DNA wurde durch Phenol/Chloroform Extraktion gereinigt und mit
Ethanol gefällt. Abschließend wurde die DNA in 100 μ l TE-Puffer gelöst.

45

Beispiel 7:

50 Subklonierung und Sequenzierung von TNF-BP cDNA Klonen 15 und 23

Um die cDNAs der Klonen λ TNF-BP15 und λ TNF-BP23, die bei der Hybridisierung die stärksten Signale
gezeigt hatten, näher zu charakterisieren, wurden die cDNA-Inserts mit EcoRI aus der λ -DNA herausge-
schnitten, nach elektrophoretischer Auftrennung aus einem Agarosegel eluiert und mit Äthanol präzipitiert.
55 Die DNA-Fragmente von 1.3 kb (von λ TNF-BP15) und 1.1 kb (von λ TNF-BP23) wurden mit EcoRI
geschnittenem und mit alkalischer Phosphatase aus Kalbsdarm dephosphoryliertem Plasmidvektor pT7 T3 α -
18 (Bethesda Research Laboratories) mit T4 DNA Ligase ligiert und E.coli JM101 transformiert. Von
einzelnen Bakterienkolonien, die nach Selektion auf Agaroseplatten mit Ampicillin und X-gal keine blaue

Färbung aufwiesen, wurde im Minipräparationsverfahren Plasmid-DNA hergestellt und durch Schneider mit EcoRI und HindIII das Vorhandensein und die Orientierung des cDNA Inserts festgestellt. Plasmide, die das EcoRI Insert der Phagen λ TNF-BP15 bzw. λ TNF-BP23 so orientiert enthielten, daß das dem 5'-Ende der mRNA entsprechende Ende dem T7 Promoter zugewandt ist, wurden pTNF-BP15 bzw. pTNF-BP23 benannt. Die EcoRI Inserts von λ TNF-BP15 und λ TNF-BP23 wurden ebenfalls in mit EcoRI geschnittenen und dephosphorylierten M13mp19 Vektor ligiert und E.coli JM101 transformiert. Von einigen wahllos ausgewählten M13 Klonen wurde Einzelstrang-DNA präpariert und als Vorlage für die Sequenzierung nach der Dideoxy-Methode verwendet.

An M13 Klonen, die die cDNA-Inserts in entgegengesetzter Orientierung enthielten, wurden mit dem universellen Sequenzierprimer und spezifisch synthetisierten Oligonukleotidprimern, die an das cDNA-Insert binden, beide DNA-Stränge vollständig sequenziert.

Die vollständige Nukleotidsequenz von 1334 Basen des cDNA-Inserts von λ TNF-BP15 bzw. pTNF-BP15 ist in Fig.1 dargestellt. Die Basen 1-6 und 1328-1334 entsprechen den EcoRI-Linkern, die bei der Herstellung der cDNA-Bibliothek an die cDNA angefügt worden waren. Die Nukleotidsequenz des cDNA-Inserts von λ TNF-BP23 entspricht der von λ TNF-BP15 (Basen 22-1100), flankiert von EcoRI-Linkern.

Der Klon λ TNF-BP30 wurde ebenfalls untersucht; seine Sequenz entspricht λ TNF-BP15 mit dem Unterschied, daß die Sequenz eine Deletion von 74 bp (Nukleotid 764 bis 837) aufweist.

20 Beispiel 8

Konstruktion der Expressionsplasmide pAD-CMV1 und pAD-CMV2

25 Aus Teilen der Expressionsplasmide pCDM8 (Seed und Aruffo, 1987, Seed, 1987; Invitrogen), pSV2gptDHFR20 (EP-A1 0321 842) und dem Plasmid Bluescript SK+ (Short et al., 1988; Stratagene) wurde ein neues Plasmid konstruiert, das eine Multiklonierstelle für die gerichtete Insertion heterologer DNA-Sequenzen aufweist und sich in E.coli mittels Ampicillinresistenz mit hoher Kopienzahl vermehren läßt. Die intergenische Region von M13 ermöglicht die Herstellung einzelsträngiger Plasmid-DNA mittels 30 Superinfektion der transformierten Bakterien mit einem Helferphagen (z.B. R408 oder M13K07) zur erleichterten Sequenzierung und Mutagenese der Plasmid-DNA. Der T7 Promoter, der der Multiklonierstelle vorangeht, ermöglicht die Herstellung von RNA Transkripten in vitro. In Säugetierzellen erfolgt die Expression heterologer Gene getrieben vom Cytomegalovirus (CMV) Promoter/Enhancer (Boshart et al., 1985). Der SV40 Replikationsursprung ermöglicht in geeigneten Zelllinien (z.B. SV40 transformierte Zellen wie COS-7, 35 Adenovirus transformierte Zelllinie 293 (ATCC CRL1573) die autonome Replikation des Expressionsplasmids zu hohen Kopienzahlen und damit hohe Raten in transienter Expression. Für die Herstellung permanent transformierter Zelllinien und die nachfolgende Amplifikation der Expressionskassette mittels Methotrexat dient ein modifiziertes Hamster-Minigen (Promoter mit kodierendem Bereich und dem ersten Intron) für Dihydrofolatreduktase (DHFR) als Selektionsmarker.

40

a) Herstellung der Vektor- und Promoteranteile durch PCR

Das Plasmid Bluescript SK+ wurde mit HindIII linearisiert und 5 ng DNA in einem 100 μ l PCR Ansatz eingesetzt (Reaktionspuffer: 50 mM KCl, 10 mM Tris-Cl pH = 8.3, 1.5 mM MgCl₂, 0.01% (w/v) Gelatine, 0.2 mM der vier Desoxynukleotidtriphosphate (dATP, dGTP, dCTP, dTTP), 2.5 Einheiten Taq Polymerase pro 100 μ l). Als Primer wurden je 50 pmol der synthetischen Oligonukleotide EBI-1786 (5'-GGAATTTCAGCCTGAATGGCGAATGGG-3'; bindet knapp außerhalb von M13 ori-Region in Bluescript Pos. 475, unabhängig von M13 ori-Orientierung) und EBI-1729 (5'-CCTCGAGCGTTGCTGGCGTTTCC-3'; bindet an Bluescript an Pos. 1195 vor ori, entspricht dem Anfang der Bluescript-Sequenz in pCDM8, 6 Basen 5' ergeben Xhol) eingesetzt. Nach 5 Minuten Denaturieren bei 94°C erfolgte die PCR über 20 Zyklen (40 sec bei 94°C, 45 sec bei 55°C, 5 Min bei 72°C, Perkin Elmer Cetus Thermal Cycler). Die Oligonukleotide flankieren die intergenische Region von M13 bzw. den Replikationsursprung (ori) mit dem dazwischenliegenden Gen für die β -Lactamase. Gleichzeitig wird am Ende des Replikationsursprungs eine Xhol- und am anderen Ende eine EcoRI-Schnittstelle erzeugt. Das Reaktionsgemisch wurde durch Extraktion mit Phenol-Chloroform von Protein befreit und die DNA mit Ethanol präzipitiert. Die erhaltene DNA wurde mit Xhol und EcoRI geschnitten und nach Elektrophorese in einem Agarosegel ein Fragment mit 2.3 kb isoliert.

5 ng mit SacII linearisiertes Plasmid pCDM8 wurden mit den Oligonukleotiden EBI-1733 (5'-GGTCGACATTGATTATTGACTAG-3') bindet an CMV-Promotorregion (Pos. 1542) von pCDM8, entspricht Pos.1 in pAD-CMV, Sall-Stelle für Klonierung) und EBI-1734 (5'-GGAATTCCCTAGGAATACAGCGG-3') bindet an Polyoma origin von 3 SV40 polyA-Region in pCDM8 (Pos. 3590)) unter identischen Bedingungen wie für Bluescript SK+ beschrieben, durch PCR amplifiziert. Die Oligonukleotide binden am Beginn der CMV-Promoter Enhancer-Sequenz und erzeugen eine Sall Schnittstelle (EBI-1733) bzw. binden am Ende der SV40 poly-Adenylierungstelle und erzeugen eine EcoRI Schnittstelle (EBI-1734). Das PCR-Produkt wurde mit Sall und EcoRI geschnitten und ein DNA Fragment von 1.8 kb aus einem Agarosegel isoliert.

Die beiden PCR Produkte wurden mit T4 DNA-Ligase ligiert, mit dem erhaltenen Ligationsprodukt E.coli HB101 transformiert und nach Standardmethoden Plasmid-DNA amplifiziert und präpariert. Das Plasmid der gewünschten Beschaffenheit (siehe Fig.3) wurde pCMV-M13 benannt.

Der SV40 Replikationsursprung (SV40 ori) wurde aus dem Plasmid pSV2gptDHFR20 (EP-A1 0321342) isoliert. Dazu wurde dieses Plasmid mit HindIII und PvuII doppelt geschnitten und die DNA-Enden durch nachfolgende Behandlung mit dem großen Fragment der E.coli DNA Polymerase (Klenow Enzym) in Gegenwart der vier Desoxynukleotidtriphosphate stumpf gemacht. Ein dabei erhaltenes 0.36 kb DNA-Fragment wurde aus einem Agarosegel isoliert und in mit EcoRI linearisiertem pCMV-M13 ligiert. Ein nach Transformation von E.coli HB101 erhaltenes Plasmid mit dem SV40 ori in gleicher Orientierung wie das Lactamase Gen und dem CMV-Promoter wurde pCMV-SV40 benannt. Die Konstruktion dieses Plasmids ist in Fig.3 dargestellt.

20

b) Mutagenese des DHFR-Gens

Zur Herstellung eines Expressionsplasmids mit einer vielseitigen Multiklonierstelle wurden aus dem DHFR Minigen durch gerichtete Mutagenese zwei und durch Deletion drei Restriktionsenzymeschnittstellen entfernt. Dazu wurde aus dem Plasmid pSV2gptDHFR20 ein 1.7 kb BgIII Fragment, das die gesamte kodierende Region des Hamster DHFR-Gens enthält, in die BgIII Stelle des Plasmids pUC219 (IBI) kloniert und das Plasmid pUCDHFR erhalten. Mit pUCDHFR transformierte E.coli JM109 (Stratagene) Zellen wurden mit etwa 40-fachem Überschuß des Helferphagen R408 (Stratagene) infiziert und 16 Stunden bei 37 °C in LB-Medium geschüttelt. Aus dem Bakterienüberstand wurde einzelsträngige Plasmid-DNA isoliert.

Die gerichtete Mutagenese erfolgte in zwei aufeinanderfolgenden Schritten, wobei das in vitro Mutagenese System RPN1523 (Amersham) verwendet wurde. Die am Beginn von Exon 2 befindliche EcoRI Stelle wurde durch Austausch einer Base von GAATTC zu GAGTTC zerstört. Dieser Basenaustausch führt zu keiner Änderung der kodierten Aminosäuresequenz und entspricht außerdem der Nukleotidsequenz im natürlichen murinen DHFR-Gen (McGrogan et al., 1985, Mitchell et al., 1986). Für die Mutagenese wurde ein Oligonukleotid (Antisense-Orientierung) der Sequenz 5'-GTACTTGAACTCGTTCTG-3' (EBI-1751) verwendet. Ein Plasmid mit der gewünschten Mutation wurde, wie oben beschrieben, als Einzelstrang-DNA präpariert und die im ersten Intron befindliche PstI Stelle durch Mutagenese mit dem Oligonukleotid EBI-1857 (Antisense Orientierung, 5'-GGCAAGGGCAGCAGCCGG-3') von CTGCAG in CTGCTG entfernt. Die Mutationen wurden durch Sequenzierung bestätigt und das erhaltene Plasmid pUCDHFR-Mut2 benannt.

Aus dem Plasmid pUCDHFR-Mut2 wurde das 1.7 kb BgIII Fragment isoliert und in mit BgIII und BamHI doppelt geschnittenes Plasmid pSV2gptDHFR20 ligiert. Nach Transformation von E.coli, Amplifikation und DNA-Isolierung wurde ein Plasmid der gewünschten Beschaffenheit erhalten, das als pSV2gptDHFR-Mut2 bezeichnet wurde. Durch Schneiden mit BamHI wurde in der 3'-nicht-kodierenden Region des DHFR Gens ein auf die BgIII Stelle folgendes 0.12 kb DNA-Fragment entfernt, das außerdem noch eine KpnI Schnittstelle enthält. Durch Verknüpfen der mit BgIII und BamHI entstandenen überhängenden DNA-Enden wurden auch die Erkennungssequenzen für diese beiden Enzyme zerstört.

Das Plasmid pCMV-SV40 wurde mit EcoRI und BamHI doppelt geschnitten, die DNA-Enden nachfolgend mit Klenow-Enzym stumpf gemacht. Die DNA wurde durch Extraktion mit Phenol-Chloroform und Ethanolfällung gereinigt, anschließend durch Inkubation mit alkalischer Phosphatase dephosphoryliert und die 4.4 kb lange Vektor DNA aus einem Agarosegel isoliert.

Das Plasmid pSV2gptDHFR-Mut2 (Fig.4) wurde mit EcoRI und PstI doppelt geschnitten und die DNA-Enden durch 20 Minuten Inkubation bei 11 °C mit 5 Einheiten T4 DNA-Polymerase (50 mM Tris-HCl pH = 8.0, 5 mM MgCl₂, 5 mM Dithiothreitol, 0.1 mM jedes der vier Desoxynukleotidtriphosphate, 50 µg/ml Rinderserumalbumin) stumpf gemacht. Das 2.4 kb lange DNA-Fragment mit dem mutierten DHFR-Gen wurde aus einem Agarosegel isoliert und mit dem wie oben beschrieben präparierten pCMV-SV40 ligiert. Ein nach Transformation von E.coli erhaltenes Plasmid, das das DHFR-Gen in der selben Orientierung wie den CMV-Promoter enthielt, wurde pCMV-SV40DHFR benannt.

Im letzten Schritt wurde das 0.4kb "Stuffer"-Fragment nach dem CMV-Promotor, das noch aus dem Ausgangsplasmid pCDM8 stammte, gegen eine Multiklonierstelle ausgetauscht. Dazu wurde das Plasmid pCMV-SV40DHFR mit HindIII und XbaI doppelt geschnitten und der Vektoranteil aus einem Agarosegel isoliert. Die Multiklonierstelle, gebildet aus den beiden Oligonukleotiden EBI-1823 (5'-AGCTTCTGCAGGTCGACATCGATGGATCCGGTACCTCGAGCGGCCGCAATTCT-3') und EBI-1829 (5'-CTAGAGAATTTCGCGGCCGCTCGAGGTACCGGATCCATCGATGTCGACCTGCAGA-3'), enthält inklusive der für die Klonierung in HindIII - XbaI kompatiblen Enden Restriktionsschnittstellen für die Enzyme PstI, Sall, ClaI, BamHI, KpnI, XbaI, NotI und EcoRI.

Je 1 μ g der beiden Oligonukleotide wurden in 20 μ l Reaktionspuffer (70 mM Tris-HCl pH = 7.6, 10 mM MgCl₂, 5 mM Dithiothreitol, 0.1 mM ATP) mit 5 Einheiten T4 Polynukleotidkinase eine Stunde bei 37 °C inkubiert, um die 5'-Enden zu phosphorylieren. Die Reaktion wurde durch 10 minütiges Erhitzen auf 70 °C gestoppt und die komplementären Oligonukleotide miteinander hybridisiert, indem die Probe weitere 10 Minuten bei 56 °C inkubiert und anschließend langsam auf Raumtemperatur abgekühlt wurde. 4 μ l der hybridisierten Oligonukleotide (100 ng) wurden mit etwa 100 ng Plasmidvektor ligiert und E.coli HB101 transformiert. Ein Plasmid, das sich mit den Enzymen der Multiklonierstelle (ausgenommen NotI) linearisieren ließ, wurde pAD-CMV1 benannt. Von vielen getesteten Klonen konnte keiner identifiziert werden, dessen Plasmid sich mit NotI schneiden ließ. Die Sequenzierung zeigte immer die Deletion von einigen Basen innerhalb der NotI Erkennungssequenz.

In gleicher Weise wurde mit dem Oligonukleotidpaar EBI-1820 (5'-AGCTCTAGAGAATTTCGCGGCCGCTCGAGGTACCGGATCCATCGATGTCGACCTGCAGAAGCTTG-3') und EBI-1821 (5'-CTAGCAAGCTCTGCAGGTCGACATCGATGGATCCGGTACCTCGAGCGGCCGCAATTCTCTAG-3') das Expressionsplasmid pAD-CMV2 hergestellt, das die Restriktionsschnittstellen innerhalb der Multiklonierstelle in umgekehrter Reihenfolge enthält. Dabei wurde das Plasmid pAD-CMV2 erhalten, das sich mit sämtlichen Restriktionsenzymen, einschließlich NotI, linearisieren ließ.

Die Nukleotidsequenz des 6414 bp großen Plasmids pAD-CMV1 (Fig.5) ist zur Gänze in Fig.6 dargestellt.

Die Abschnitte auf dem Plasmid (angegeben in der Numerierung der Basen) entsprechen folgenden Sequenzen:

- 1-21 EBI-1733, Beginn CMV Enhancer - Promotor (aus CDM8)
- 632-649 T7 Promotor
- 658-713 Multiklonierstelle (HindIII bis XbaI aus EBI-1823, EBI-1829)
- 714-1412 SV40 Intron und poly-Adenylierungsstelle (aus CDM8)
- 1413-2310 5' nicht kodierende Region und Promotor des Hamster DHFR Gen (aus pSV2gptDHFR20)
- 2311-2396 Hamster DHFR: Exon 1
- 2516 A zu T Mutation zerstört PstI Stelle in DHFR Intron 1
- 2701-3178 DHFR Exons 2-6 (kodierende Region)
- 2707 A zu G Mutation zerstört EcoRI Stelle
- 3272-3273 Deletion zwischen BglII und BamHI in DHFR 3' nicht kodierender Region
- 3831 Ende DHFR Gen (aus pSV2gptDHFR20)
- 3832-4169 SV40 ori (aus pSV2gptDHFR20)
- 4170-4648 M13 ori (aus pBluescript SK+)
- 4780-5640 β -Lactamase (kodierende Region)
- 5395-6414 EBI-1729, Ende der pBluescript Vektorsequenz

Die Herstellung der Plasmide pAD-CMV1 und pAD-CMV2 ist in Fig.5 dargestellt.

Beispiel 9

50 Konstruktion des Plasmids pADTNF-BP für die Expression der löslichen Form von TNF-BP

Um auf direktem Weg die sekretierte Form von TNF-BP herzustellen, wurde in der für einen Teil des TNF-Rezeptors kodierenden cDNA (vgl. Beispiel 7; im folgenden als TNF-R cDNA bezeichnet) nach dem 55 Codon der C-terminalen Aminosäure des natürlichen TNF-BP (AAT, Asn-172; entspricht Pos.201 in Fig.9) ein Translationsstopcodon eingeführt. Dadurch wird die Proteinsynthese an dieser Stelle abgebrochen und ermöglicht, TNF-BP direkt in den Zellüberstand zu sekretieren, ohne eine nachfolgende, möglicherweise geschwindigkeitsbestimmende Reaktion einer proteolytischen Abspaltung in C-terminaler Richtung gelage-

ner Abschnitte des TNF-Rezeptors durchlaufen zu müssen.

Gleichzeitig mit der Einführung des Stopcodons mittels PCR wurde die 5'-nicht kodierende Region der TNF-R cDNA verkürzt, um das Translationsstartcodon eines weiteren offenen Leserahmens (Basen 72-203 in Fig.9), der sich 5' von dem des TNF-R befindet, zu entfernen, und am 5'-bzw. 3'-Ende der cDNA eine 5' BamHI bzw. EcoRI Schnittstelle eingeführt.

100 ng mit XmnI linearisiertes Plasmid pTNF-BP15 (vgl. Beispiel 7) wurden mit je 50 pmol der Oligonukleotide EBI-1986 (Sense, 5'-CAGGATCCGAGTCTCAACCTCAAC-3') und EBI-1929 (Antisense, 5'-GGGAATTCTTATCAATTCTCAATCTGGGGTAGGCACAACTTC-3': Einführung zweier Stoc-Codons und einer EcoRI Stelle) in einem 100 μ l PCR-Ansatz über 10 Zyklen amplifiziert. Die Zyklusbedingungen waren 10 Sekunden bei 94 °C, 45 Sekunden bei 55 °C und 5 Minuten bei 72 °C. Nach dem letzten Zyklus wurde für weitere 7 Minuten bei 72 °C inkubiert und die Reaktion durch Extraktion mit Phenol-Chloroform gestoppt. Die DNA wurde mit Ethanol präzipitiert und anschließend mit BamHI und EcoRI doppelt geschnitten. Das entstandene 0.75 kb DNA Insert wurde aus einem Agarosegel isoliert und in mit BamHI und EcoRI doppelt geschnittenes Plasmid pT7/T3 α -19 (BRL) kloniert. Eines der erhaltenen Plasmide, von dem aufgrund der Sequenzierung des gesamten Inserts festgestellt worden war, daß es die gewünschte Sequenz aufwies, wurde pTNF-BP benannt.

pTNF-BP wurde mit BamHI und EcoRI geschnitten und das 0.75 kb DNA Insert in das mit BamHI und EcoRI geschnittene Expressionsplasmid pAD-CMV1 kloniert. Ein erhaltenes Plasmid der gewünschten Zusammensetzung wurde pADTNF-BP benannt (Fig.7A).

20

Beispiel 10

25 Konstruktion des Plasmides pADTNF-BP für die Expression der löslichen Form von TNF-BP

Für eine weitere Variante eines Expressionsplasmides für die Produktion von sekretiertem TNF-BP wurde die 5'-nicht kodierende Region der TNF-R cDNA gegen die 5'-nicht kodierende Region der humanen β -Globin mRNA ausgetauscht. Der Grund dafür war die Feststellung, daß die Nukleotidsequenz unmittelbar vor dem Translationsstartcodon der TNF-R Sequenz deutlich von der für effiziente Expression eukaryotischer Gene gefundenen Konsensussequenz (Kozak, 1987) abweicht, wogegen die 5'-nicht kodierende Region der β -Globin mRNA sehr gut mit dieser Konsensussequenz übereinstimmt (Lawn et al., 1980). Mittels des Oligonukleotids EBI-2452 (5'-CACAGTCGACTTACATTGCTTCTGACACAACCTCAAACAGACACCATTGGGCCTC-TCCACCGTGC-3'), das nach einer Sall Restriktionsschnittstelle die authentische 5'-nicht kodierende Sequenz, entsprechend der humanen β -Globin mRNA-Sequenz, gefolgt von 20 Basen der kodierenden Region von TNF-BP enthielt, wurde in einer PCR die TNF-R Sequenz modifiziert. 100 ng mit EcoRI linearisiertes Plasmid pTNF-BP wurden in 100 μ l Reaktionsansatz mit je 50 pmol der Oligonukleotide EBI-2452 und EBI-1922 (Antisense, 5'-GAGGCTGCAATTGAAGC-3') bindet an die huTNF-R Sequenz bei Pos. 656) in 20 PCR-Zyklen (40 sec bei 94 °C, 45 sec bei 55 °C, 90 sec bei 72 °C) amplifiziert. Nach Reinigung des PCR-Produktes durch Extraktion mit Phenol-Chloroform und Ethanolfällung wurde die DNA mit Sall und BgIII doppelt geschnitten und das entstandene 0.51 kb DNA Insert aus einem Agarosegel isoliert. Der entsprechende Teil der TNF-R Sequenz wurde aus dem Plasmid pTNF-BP durch Schneiden mit Sall und BgIII entfernt, der 3.1 kb lange Plasmidteil aus einem Agarosegel isoliert und mit dem 0.51 kb langen PCR-Produkt ligiert. Nach Transformation von E.coli wurden sieben der erhaltenen Plasmide sequenziert. Eines dieser Plasmide enthielt genau die gewünschte Sequenz. Dieses Plasmid wurde p8TNF-BP benannt.

Das gesamte Sall - EcoRI Insert von p8TNF-BP wurde in das ebenso geschnittene Expressionsplasmid pAD-CMV1 kloniert und das erhaltene Plasmid pAD8TNF-BP benannt (Fig.7B).

50

Beispiel 11

Isolierung von Ratten TNF-R cDNA Klonen

Zunächst wurde eine Rattenhirn-cDNA analog der HS913T cDNA Bibliothek (vgl. Beispiel 4) aus der Ratten Glia Tumor Zelllinie C6 (ATCC Nr. CCL107) in λ -gt11 hergestellt. 600.000 Phagen der Rattenhirn cDNA Bibliothek in λ -gt11 wurden, wie in Beispiel 6 beschrieben, durch

Hybridisierung gescreent. Als Sonde wurde das gereinigte EcoRI Insert von pTNF-BP30 (vgl. Beispiel 6) verwendet. Etwa 100 ng DNA wurden mit 1 μ g Random Hexamer Primer anstatt der spezifischen Oligonukleotide, wie in Beispiel 6 beschrieben, mit [α - 32 P]dCTP radikalisch markiert. Eingelegt wurden 25×10^6 cpm. Die Hybridisierung der Filter erfolgte unter gleichen Bedingungen wie in Beispiel 6. Die Filter wurden zweimal 30 Minuten bei Raumtemperatur in 2xSSC/0.1% SDS und dreimal 30 Minuten bei 65 °C in 2xSSC/0.1% SDS und zweimal 30 Minuten bei 65 °C in 0.5xSSC/0.5% SDS gewaschen. Die luftgetrockneten Filter wurden anschließend an Kodak XAR Röntgenfilm 16 Stunden unter Verwendung einer Verstärkerfolie bei -70 °C exponiert. Insgesamt wurden 10 hybridisierende Plaques identifiziert und durch Plaquereinigung vereinzelt. Nach dreimaliger Plaquereinigung wurden schließlich drei λ -Klonen (λ -raTNF-R #3, 4, 8) vereinzelt und die Phagen DNA, wie beschrieben, dargestellt.

Die Länge der cDNA Inserts wurde nach Schneiden der λ -DNA mit EcoRI und Auftrennung in einem Agarosegel mit 2.2 kb für die Klonen raTNF-R3 und raTNF-R8 und 2.1 kb für Klon raTNF-R4 bestimmt. Die EcoRI Inserts der Klonen λ -raTNF-R3 und 8 wurden in ebenso geschnittenen M13mp19 kloniert und die DNA Sequenz mit universellen Sequenzierprimern und spezifisch synthetisierten Oligonukleotidprimern bestimmt.

Die vollständige Nukleotidsequenz von raTNF-R8 ist in Fig.8 dargestellt. Die ersten und letzten sieben Basen entsprechen den EcoRI-Linkern, die bei der Herstellung der cDNA-Bibliothek angefügt worden waren.

Beispiel 12

20

Isolierung eines Klons, enthaltend die vollständige für den humanen TNF-Rezeptor kodierende cDNA

Die vollständige cDNA des Ratten TNF-R erleichterte die Suche nach dem noch fehlenden 3'-Teil der 25 humanen TNF-R cDNA.

Als Sonde für die Hybridisierung wurde das 0.4 kb lange PCR-Produkt der Primer EBI-2316 (5'-ATTCTGTGCGGGCGCTAG-3' bindet an TNF-R mit 2 Basen von EcoRI, an der TNF-R cDNA abbricht) und EBI-2467 (5'-GTCGGTAGCACCAAGGA-3' bindet ca. 400 Basen vor poly-A an cDNA-Klon, entspricht Pos. 1775 in raTNF-R) mit λ -raTNF-R8 als Vorlage eingesetzt. Dieses DNA Fragment entspricht der Region der 30 Ratten TNF-R cDNA, von der angenommen wurde, daß sie der, welche der internen EcoRI Stelle im humanen TNF-R folgt, entspricht.

2.5×10^6 cpm der raTNF-R8 Sonde wurden eingesetzt, um 600.000 Plaques der HS913T cDNA-Bibliothek zu hybridisieren. Die Hybridisierbedingungen entsprachen den in Beispiel 6 angegebenen. Die Filter wurden zweimal 30 Minuten bei Raumtemperatur in 2xSSC/0.1% SDS und zweimal 30 Minuten bei 65 °C in 2xSSC/0.1% SDS gewaschen, an der Luft getrocknet und an Kodak XAR Röntgenfilm unter Verwendung einer Verstärkerfolie 3 Tage bei -70 °C exponiert. Sechs positive Plaques wurden identifiziert, in zwei weiteren Runden Plaques gereinigt und λ -DNA dargestellt (λ -TNF-R #2, 5, 6, 8, 11, 12). Nach Schneiden der λ -DNA mit EcoRI wiesen alle Klone eine DNA Bande mit etwa 0.8 kb Länge auf. λ -TNF-R2 und 11 enthielten zusätzlich ein EcoRI Fragment mit 1.3 kb. Die beiden EcoRI Inserts aus λ -TNF-R2 wurden in die 40 EcoRI Stelle von Plasmid pUC218 (IBI) subkloniert und anschließend sequenziert. Die Sequenz des 1.3 kb EcoRI Fragments entsprach der von cDNA Klon pTNF-BP15, das 0.8 kb EcoRI Fragment entspricht dem 3'-Abschnitt der TNF-R mRNA und enthält vor der EcoRI-Linker Sequenz einen poly-A Schwanz mit 16 A Resten. λ -TNF-R2 enthält demnach die vollständige kodierende Region des humanen TNF-R, dargestellt in Fig.9.

45

Beispiel 13

50 Konstruktion der Plasmide pADTNF-R und pAD8TNF-R für die Expression des gesamten humanen TNF-Rezeptors

Zunächst wurde, ähnlich wie im Beispiel 9 für pTNF-BP bzw. pADTNF-BP beschrieben, ein Plasmid konstruiert, in dem die 5'-nicht kodierende Region von pTNF-BP15 verkürzt, im Unterschied zu den im Beispiel 9 beschriebenen Plasmiden jedoch das 3'-Ende von pTNF-BP15 beibehalten wurde. Dazu wurde unter identischen Bedingungen wie in Beispiel 9 mit dem Oligonukleotid EBI-1986 und dem M13-40 Universalprimer (5'-GTTTCCCAGTCACGAC-3') pTNF-BP15 mit PCR amplifiziert. Das PCR Produkt wurde mit BamHI und EcoRI doppelt geschnitten und in das Plasmid pT7-T3a-19 kloniert. Eines der erhaltenen

Plasmide wurde pTNF-BP158 benannt.

pTNF-BP158 wurde mit BamHI und EcoRI geschnitten und das 1.26 kb DNA Insert in mit BamHI und EcoRI geschnittenes Expressionsplasmid pAD-CMV1 kloniert. Ein erhaltenes Plasmid der gewünschten Zusammensetzung wurde pADTNF-BP15 benannt.

Dieses Plasmid wurde mit EcoRI linearisiert und in die Schnittstelle das 0.8 kb EcoRI Fragment, isoliert aus λ TNF-R2, kloniert. Nach Transformation von E.coli wurden einige wahllos isolierte Plasmide durch Schneiden mit verschiedenen Restriktionsenzymen auf die korrekte Orientierung des eingesetzten EcoRI Fragments überprüft. Ein Plasmid, bezeichnet als pADTNF-R (Fig.7C), wurde noch genauer auf korrekte Orientierung untersucht, indem das Insert ausgehend vom 3'-Ende der insertierten cDNA mit dem Oligonukleotid E31-2112 (5'-GTCCAAATTATGTCACACC-3'), das nach der Multiklonierstelle an das Plasmid pAD-CMV1 und seine Derivate bindet, sequenziert wurde.

Ein weiteres Expressionsplasmid, in dem die 5'-nicht kodierende Region des TNF-R gegen die von β -Globin ausgetauscht ist, wurde konstruiert. Plasmid pADBTNF-BP wurde mit BgIII vollständig geschnitten, um das 1.1 kb BgIII Fragment zu entfernen, die DNA-Enden wurden nachfolgend mit alkalischer Phosphatase aus Kälberdarm dephosphoryliert und der Plasmidvektor (5.9 kb) mit der β -Globin 5'-nicht kodierenden Region des β -Globingens und dem 5'-Teil der TNF-R kodierenden Region aus einem Agarosegel isoliert. Plasmid pADTNF-R wurde mit BgIII geschnitten und das 2.5 kb DNA Fragment, enthaltend den 3'-Abschnitt der TNF-R cDNA bis zur Promoterregion des nachfolgenden DHFR-Gens, aus einem Agarosegel isoliert und in den zuvor präparierten Plasmidvektor kloniert. Ein nach Transformation von E.coli erhaltenes Plasmid mit dem in korrekter Orientierung insertierten BgIII-Fragment wurde pADBTNF-R benannt (Fig.7D).

Beispiel 14

25 Expression von löslichem TNF-BP in eukaryotischen Zelllinien

a) ELISA-Test

30 In diesem Beispiel wurde der Nachweis von TNF-BP mittels ELISA-Test wie folgt durchgeführt:
 96-Napf Mikrotiterplatten wurden pro Napf mit 50 μ l 1:3000 verdünntem polyklonalem Kaninchen-Serum (polyklonale Kaninchenantikörper, hergestellt durch Präzipitation von Antiserum mit Ammoniumsulfat, Endkonzentration 50 % Sättigung) gegen natürliches TNF-BP 18 Stunden bei 4°C beschichtet, einmal mit 0.05% Tween-20 in PBS gewaschen und freie Bindungsstellen mit 150-200 μ l 0.5% Rinderserumalbumin, 0.05% Tween-20 in PBS (PBS/BSS/Tween) eine Stunde bei Raumtemperatur blockiert. Die Näpfe wurden einmal mit 0.05% Tween-20 in PBS gewaschen und 50 μ l Zellüberstand oder bekannte Mengen von natürlichem TNF-BP (vgl. Tab.3 und 4) und 50 μ l einer 1:10.000-fachen Verdünnung eines polyklonalen Mäuseserums gegen TNF-BP aufgetragen und zwei Stunden bei Raumtemperatur inkubiert. Anschließend wurden die Näpfe dreimal mit 0.05% Tween-20 in PBS gewaschen und 50 μ l Kaninchen anti-Maus IgG-Peroxidase Konjugat (Dako P161; 1:5000 in PBS/BSA/Tween), zugegeben und weitere zwei Stunden bei Raumtemperatur inkubiert. Die Näpfe wurden dreimal mit Tween/PBS gewaschen und die Färbereaktion mit Orthophenyldiamin (3 mg/ml) und Na-Perborat (1 mg/ml) in 0.067M Kalium-Citrat pH 5.0, 100 μ l Napf, 20 Minuten bei Raumtemperatur unter Lichtschutz durchgeführt. Nach Zugabe von 100 μ l 4N H₂SO₄ wurde die Farbintensität bei einer Wellenlänge von 492 nm in einer Mikrofilmplatten-Photometer photometrisch gemessen.

b) Transiente Expression von löslichem TNF-BP in eukaryotischen Zelllinien

50 Etwa 10⁶ Zellen (COS-7) pro 80 mm Petrischale wurden 24 Stunden vor der Transfektion in RPMI-1640 Medium mit 10% hitzeinaktiviertem Kälberserum angesetzt und bei 37°C in 5% CO₂ Atmosphäre inkubiert. Die Zellen wurden mit einem Gummischaber von der Petrischale gelöst und 5 Minuten bei 1200 UpM bei Raumtemperatur abzentrifugiert (Heraeus Minifuge, Ausschwing-Rotor 3360), einmal mit 5 ml serumfreiem Medium gewaschen, 5 Minuten bei 1200 UpM zentrifugiert und in 1 ml Medium, versetzt mit 250 μ g/ml DEAE-Dextran und 10 μ g Plasmid DNA (vgl. Tab.3, gereinigt durch zweimalige CsCl Dichtegradientenzentrifugation) suspendiert. Die Zellen wurden 40 Minuten bei 37°C inkubiert, einmal mit 5 ml Medium mit 10% Kälberserum gewaschen und in 5 ml Medium mit 100 μ g/ml Chloroquin suspendiert. Die

5 Zellen wurden eine Stunde bei 37°C inkubiert, einmal mit Medium gewaschen und mit 10 ml frischem Medium bei 37°C inkubiert. Nach 72 Stunden wurde der Zellüberstand geerntet und zum Nachweis des sekretierten TNF-BP verwendet.

Tabelle 3:

Zelllinie	COS-7
ohne Plasmid	< 5 ng/ml
pADTNF-BP	7.5 ng/ml
pAD8TNF-BP	146 ng/ml

15

c) Herstellung permanent TNF-BP produzierender Zelllinien

20 Die Dihydrofolatreduktase(DHFR)-defiziente Hamster Ovarial Zelllinie CHO DUKX BII (Urlaub und Chasin, 1980) wurde mit Plasmid pAD8TNF-BP mittels Kalzium-Phosphat Präzipitation transfiziert (Current protocols in molecular biology, 1987). Vier dicht bewachsene Zellkultur-Fläschchen (25 cm², 5 ml Kulturmedium pro Fläschchen) wurden mit je 5 µg DNA transfiziert; nach vierstündiger Inkubation bei 37°C wurde das Medium entfernt und durch je 5 ml Selektionsmedium (MEM alpha Medium mit 10 % dialysiertem fötalem Rinderserum) ersetzt. Nach Inkubation über Nacht wurden die Zellen mittels Trypsin-Lösung abgelöst; die Zellen aus jedem Fläschchen wurden in zwei 96-Napf Gewebekulturplatten aufgeteilt (100 µl/Napf in Selektionsmedium). In etwa wöchentlichen Abständen wurde frisches Medium zugegeben. Nach etwa vier Wochen konnten in 79 Nämpfen Zellklone beobachtet werden. Die Überstände wurden im ELISA auf TNF-BP Aktivität getestet. 37 Überstände zeigten Aktivität im ELISA. Die Ergebnisse des ELISA-Tests einiger posiver Klone ist in Tab.4 dargestellt.

25

Tabelle 4:

Probe	Absorption bei 492 nm
TNF-BP Standard	
1 ng/ml	0.390
10 ng/ml	1.233
100 ng/ml	1.875
Kulturmedium (Negativkontrolle)	0.085
Klon	
A1G3	0.468
A2F5	0.931
A3A12	0.924
A4B8	0.356
A5A12	0.806
A5B10	0.915
ASC1	0.966

30

Beispiel 15:

Mitteilung

Mestan, J., et al., 1986, Nature 323, 816-819
 Mitchell, P.J., et al., 1986, Mol. Cell. Biol. 6, 425-440
 Oakley, B.R., et al., 1986, Analyt. Biochem. 105, 361-363
 Old, L.J., 1987, Nature 326, 330-331
 5 Oliiff A., et al., 1987, Cell 555-63
 Oisson I., et al., 1986, Eur. J. Haematol. 41, 414 - 420
 Oisson I., et al., 1989, Eur. J. Haematol. 42, 270 - 275
 Pieler Ch., 1987, Dissertation, Universität Wien
 Piguet, P.F., et al., 1987, Immunobiol. 175, 27
 10 Saiki, R.K., 1988, Science 239, 487-491
 Sanger et al., 1977, Proc. Natl. Acad. Sci. 74, 5463-5467
 Seckinger P., et al., 1988, J. Exp. Med., 1511-16
 Seckinger, P., et al., 1987, J. Immunol. 139, 1546-1549
 Seed und Aruffo, 1987, Proc. Natl. Acad. Sci. 84, 8573-8577
 15 Seed, B., 1987, Nature 329, 840-842
 Shalaby, M.R., et al., 1985, J. Immunol. 135, 2069-2073
 Short, J.M., et al., 1988, Nucl. Acids Res. 11, 5521-5540
 Staden, R., 1982, Nucleic Acid Res. 10, 4731-4751
 20 Staubert, G.B., et al., 1988, J. Biolog. Chem. 35, Vol. 263, 19098-19104
 Staubert, G.B., et al., 1989, J. Biolog. Chem. 6, Vol. 264, 3573-3576
 Torti, F.M., et al., 1985, Nature 229:867-869
 Tracey, K.J., et al., 1987, Nature 330, 662-666
 25 Tracey, K.J., et al., 1986, Science 234, 470-474
 Urlaub und Chasin, 1980, Proc. Natl. Acad. Sci. 77, 4216-4220
 Waage, A., et al., 1987, Lancet. ii, 355-357
 Wong, G.H.W., et al., 1986, Nature 323, 819-822

Ansprüche

30 1. DNA, kodierend für einen TNF-Rezeptor oder für Fragmente davon, dadurch gekennzeichnet, daß sie die Formel

ATG GGC CTC TCC ACC GTG CCT GAC CTG CTG CTG CCA CTG GTG CTC CTG GAG CTG TTG GTG
 GGA ATA TAC CCC TCA GGG GTT ATT GGA CTG GTC CCT CAC CTA GGG GAC AGG GAG AAG AGA
 35 GAT AGT GTG TGT CCC CAA GGA AAA TAT ATC CAC CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT ACC
 AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC TGT CCA GGC CCG GGG CAG GAT ACG GAC
 AAG TGC AGG TGT GAG AGC GGC TCC TTC ACC GCT TCA GAA AAC CAC CTC AGA CAC TGC CTC
 TGC AGG GAG TGT GAG AGC GGC TCC TTC ACC GCT TCA GAA AAC CAC CTC AGA CAC TGC CTC
 AGC TGC TCC AAA TGC CGA AAG GAA ATG GGT CAG GTG GAG ATC TCT TCT TGC ACA GTG GAC
 CGG GAC ACC GTG TGT GGC TGC AGG AAG AAC CAG TAC CGG CAT TAT TGG AGT GAA AAC CTT
 40 TTC CAG TGC TTC AAT TGC AGC CTC TGC CTC AAT GGG ACC GTG CAC CTC TCC TGC CAG GAG
 AAA CAG AAC ACC GTG TGC ACC TGC CAT GCA GGT TTC TTT CTA AGA GAA AAC GAG TGT GTC
 TCC TGT AGT AAC TGT AAG AAA AGC CTG GAG TGC ACG AAG TTG TGC CTA CCC CAG ATT GAG
 AAT GTT AAG GGC ACT GAG GAC TCA GGC ACC ACA GTG CTG TTG CCC CTG GTC ATT TTC TTT
 GGT CTT TGC CTT TTA TCC CTC CTC TTC ATT GGT TTA ATG TAT CGC TAC CAA CGG TGG AAG
 45 TCC AAG CTC TAC TCC ATT GTT TGT GGG AAA TCG ACA CCT GAA AAA GAG GGG GAG CTT GAA
 GGA ACT ACT ACT AAG CCC CTG GCC CCA AAC CCA AGC TTC AGT CCC ACT CCA GGC TTC ACC
 CCC ACC CTG GGC TTC AGT CCC GTG CCC AGT TCC ACC TCC AGC TCC ACC TAT ACC
 CCC GGT GAC TGT CCC AAC TTT GCG GCT CCC CGC AGA GAG GTG GCA CCA CCC TAT CAG GGG
 GCT GAC CCC ATC CTT GCG ACA GCC CTC GCC TCC GAC CCC ATC CCC AAC CCC CTT CAG AAG
 50 TGG GAG GAC AGC GCC CAC AAG CCA CAG AGC CTA GAC ACT GAT GAC CCC GCG ACG CTG TAC
 GCC GTG GTG GAG AAC GTG CCC CCG TTG CGC TGG AAG GAA TTC GTG CGG CGC CTA GGG
 CTG AGC GAC CAC GAG ATC GAT CGG CTG GAG CTG CAG AAC GGG CGC TGC CTG CGC GAG
 GCG CAA TAC AGC ATG CTG GCG ACC TGG AGG CGG CGC ACG CCG CGG CGC GAG GCC ACG
 CTG GAG CTG CTG GGA CGC GTG CTC CGC GAC ATG GAC CTG CTG GGC TGC CTG GAG GAC ATC
 55 GAG GAG GCG CTT TGC GGC CCC GCC CTC CCG CCC GCG AGT CTT CTC AGA TGA
 oder Abschnitte davon aufweist, einschließlich ihrer degenerierten Varianten.

2. DNA nach Anspruch 1, kodierend für sekretierbares TNF-bindendes Protein, dadurch gekennzeichnet, daß sie die Formel

R² GAT AGT GTG TGT CCC CAA GGA AAA TAT ATC CAC
 CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT ACC AAG TGC CAC
 AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC TGT CCA GGC CCG
 5 GGG CAG GAT ACG GAC TGC AGG GAG TGT GAG AGC GGC
 TCC TTC ACC GCT TCA GAA AAC CAC CTC AGA CAC TGC
 CTC AGC TGC TCC AAA TGC CGA AAG GAA ATG GGT CAG
 10 GTG GAG ATC TCT TCT TGC ACA GTG GAC CGG GAC ACC
 GTG TGT GGC TGC AGG AAG AAC CAG TAC CGG CAT TAT
 TGG AGT GAA AAC CTT TTC CAG TGC TTC AAT TGC AGC
 15 CTC TGC CTC AAT GGG ACC GTG CAC CTC TCC TGC CAG
 GAG AAA CAG AAC ACC GTG TGC ACC TGC CAT GCA GGT
 TTC TTT CTA AGA GAA AAC GAG TGT GTC TCC TGT AGT
 AAC TGT AAG AAA AGC CTG GAG TGC ACG AAG TTG TGC
 20 CTA CCC CAG ATT GAG AAT

aufweist, wobei R² gegebenenfalls fehlt oder eine für ein in vivo abspaltbares (Poly)peptid kodierende DNA darstellt, einschließlich ihrer degenerierten Varianten.

25 3. DNA nach Anspruch 2, kodierend für sekretierbares TNF bindendes Protein, dadurch gekennzeichnet, daß sie die in Anspruch 2 definierte Formel aufweist, wobei R² eine zur Gänze oder teilweise für eine Signalsequenz kodierende DNA darstellt.

4. DNA nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß daß R² die Formel CTG GTC CCT CAC CTA GGG GAC AGG GAG AAG AGA aufweist.

30 5. DNA nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß R² für R³ CTG GTC CCT CAC CTA GGG GAC AGG GAG AAG AGA steht, wobei R³ eine für ein Signalpeptid kodierende DNA darstellt.

6. DNA nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, daß R³ für ATG GGC CTC TCC ACC GTG CCT GAC CTG CTG CCA CTG GTG CTC CTG GAG CTG TTG GTG GGA ATA TAC CCC TCA GGG GTT ATT GGA

35 steht.

7. Nukleinsäuren, dadurch gekennzeichnet, daß sie mit der im Anspruch 1 definierten DNA oder Abschnitten davon unter Bedingungen niedriger Stringenz hybridisieren und für ein Polypeptid mit der Fähigkeit, TNF zu binden, kodieren oder die für ein solches Polypeptid kodierende Sequenz enthalten.

8. Rekombinantes DNA-Molekül, dadurch gekennzeichnet, daß es die in Anspruch 1 definierte DNA-Sequenz oder eine degenerierte Variante oder mindestens ein Fragment davon enthält.

40 9. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 8, replizierbar in prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtsorganismen, dadurch gekennzeichnet, daß es, funktionell verbunden mit der in Anspruch 2 definierten DNA-Sequenz oder einer degenerierten Variante oder mindestens einem Fragment davon, Expressionskontrollsequenzen enthält.

10. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 9, replizierbar in Säugetierzellen.

11. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, daß es eine in einem der Ansprüche 2 bis 6 definierte DNA enthält.

12. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, daß es die in Anspruch 6 definierte DNA enthält.

45 13. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 12 mit der Bezeichnung pADTNF-8P.

14. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 12 mit der Bezeichnung pADBTNF-8P.

15. Rekombinantes DNA-Molekül, replizierbar in prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtsorganismen, dadurch gekennzeichnet, daß es eine in Anspruch 1 definierte, gegebenenfalls modifizierte, DNA oder mindestens ein Fragment davon enthält.

50 16. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 15, replizierbar in Säugetierzellen.

17. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 16 mit der Bezeichnung pADTNF-R.

18. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 16 mit der Bezeichnung pADBTNF-R.

19. Wirtsorganismus, transformiert mit mindestens einem der in den Ansprüchen 11 bis 14 definierten

rekombinanten DNA-Moleküle.

20. Wirtsorganismus, transformiert mit einem in den Ansprüchen 15 bis 18 definierten rekombinanten DNA-Molekül.

21. Rekombinantes Polypeptid, dadurch gekennzeichnet, daß es von einer in Anspruch 1 definierten DNA kodiert wird.

22. Polypeptid nach Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß es der TNF-Rezeptor der Formel met gly leu ser thr val pro asp leu leu leu pro leu val leu leu glu leu leu val gly ile tyr pro ser gly val ile gly leu val pro his leu gly asp arg glu lys arg asp ser val cys pro gln gly lys tyr ile his pro gln asn asn ser ile cys cys thr lys cys his lys gly thr tyr leu tyr asn asp cys pro gly pro gly gln aso thr asp cys arg glu cys glu ser gly ser phe thr ala ser glu asn his leu arg his cys leu ser cys ser lys cys arg lys glu met gly gln val glu ile ser ser cys thr val asp arg asp thr val cys gly cys arg lys asn gln tyr arg his tyr trp ser glu asn leu che gln cys phe asn cys ser leu cys leu asn gly thr val his leu ser cys gln glu lys gln asn thr val cys thr cys his ala gly phe phe leu arg glu asn glu cys val ser cys ser asn cys lys lys ser leu glu cys thr lys leu cys leu pro gln ile glu asn val lys gly thr glu asp ser gly thr val leu leu pro leu val ile phe phe gly leu cys leu leu ser leu leu phe ile gly leu met tyr arg tyr gln arg trp lys ser lys leu tyr ser ile val cys gly lys ser thr pro glu lys glu gly glu leu glu gly thr thr thr lys pro leu ala pro asn pro ser phe ser pro thr pro gly phe thr pro thr leu gly phe ser pro val pro ser ser thr phe thr ser ser thr tyr pro gly asp cys pro asn phe ala ala pro arg arg glu val ala pro pro tyr gln gly ala asp pro ile leu ala thr ala leu ala ser asp pro ile pro asn pro leu gln lys trp glu asp ser ala his lys pro gln ser leu asp thr asp asp pro ala thr leu tyr ala val val glu asn val pro pro leu arg trp lys glu phe val arg arg leu gly leu ser asp his glu ile asp arg leu glu leu gln asn gly arg cys leu arg glu ala gln tyr ser met leu ala thr trp arg arg arg thr pro arg arg glu ala thr leu glu leu leu gly arg val leu arg asp met asp leu leu gly cys leu glu asp ile glu glu ala leu cys gly pro ala ala leu pro pro ala pro ser leu leu arg

oder ein Polypeptid bestehend aus mindestens einem Fragment davon ist.

23. Polypeptid nach Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, daß es TNF bindendes Protein der Formel asp ser val cys pro gln gly lys tyr ile his pro gln asn asn ser ile cys cys thr lys cys his lys gly thr tyr leu tyr asn asp cys pro gly pro gly gln asp thr asp cys arg glu cys glu ser gly ser phe thr ala ser glu asn his leu arg his cys leu ser cys ser lys cys arg lys glu met gly gln val glu ile ser ser cys thr val asp arg aso thr val cys gly cys arg lys asn gln tyr arg his tyr trp ser glu asn leu phe gln cys phe asn cys ser leu cys leu asn gly thr val his leu ser cys gln glu lys gln asn thr val cys thr cys his ala gly phe phe leu arg glu asn glu cys val ser cys ser asn cys lys lys ser leu glu cys thr lys leu cys leu pro gln ile glu asn

oder ein funktionelles Fragment oder Derivat mit der Fähigkeit, TNF zu binden, ist.

24. Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids nach Anspruch 23, dadurch gekennzeichnet, daß ein in Anspruch 19 definierter Wirtsorganismus gezüchtet und das exprimierte Protein isoliert wird.

25. Verfahren zur Herstellung von rekombinantem TNF-Rezeptor oder Fragmenten oder Modifikationen davon, dadurch gekennzeichnet, daß ein in Anspruch 20 definierter Wirtsorganismus gezüchtet und das exprimierte Protein isoliert wird.

26. Verwendung eines in den Ansprüchen 21 und 22 definierten Polypeptids zum Untersuchen von Substanzen auf ihre Wechselwirkung mit diesem Polypeptid und/oder mit TNF- α und/oder mit TNF- β und/oder auf ihre Beeinflussung der biologischen Wirkung von TNF- α und/oder TNF- β .

27. Verwendung eines in Anspruch 20 definierten Wirtsorganismus zum Untersuchen von Substanzen auf ihre Wechselwirkung mit dem TNF-Rezeptor und/oder ihre Beeinflussung der biologischen Wirkung von TNF- α und/oder TNF- β .

28. Verwendung eines Polypeptids nach Anspruch 23 zur prophylaktischen oder therapeutischen Behandlung des menschlichen Körpers bei Indikationen, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF- α und/oder TNF- β auftritt.

29. Verwendung eines Polypeptids nach Anspruch 23 als Diagnostikum zur Bestimmung von TNF- α und/oder TNF- β .

30. Pharmazeutische Zubereitung, dadurch gekennzeichnet, daß sie als therapeutisch wirksame Komponente ein in Anspruch 23 definiertes Polypeptid in einer Menge enthält, die die biologische Wirkung von TNF- α und/oder TNF- β wirksam inhibiert.

Fig. 1/1

GAATTCTCTGGACTGAGGCTCCAGTTCTGGCTTGGG

TTCAAGATCACTGGGACCAGGCCGTATCTCTATGCCGAGTCTAACCTCAACTGTC
ACCCCAAGGCACTGGACGTCCCTGGACAGACCGAGTCCCGGAAGCCCCAGCACTGCC

GCTGCCACACTGCCCTGAGCCAAATGGGGAGTGAGAGGCCA TAG CTG TCT CGC

S1	55	S10	155			
Met Gly Leu Ser Thr Val Pro Asp Leu Leu Leu Pro Leu Val Leu	ATG GGC CTC TCC ACC GTG CCT GAC CTG CTG CCA CTG GTG CTC	216	225	234	243	252

S20	25	S25	125			
Leu Glu Leu Leu Val Gly Ile Tyr Pro Ser Gly Val Ile Gly Leu	CTG GAG CTG TTG GTG GGA ATA TAC CCC TCA GGG GTT ATT GGA CTG	261	270	279	288	297

5	10	15				
Val Pro His Leu Gly Asp Arg Glu Lys Arg Asp Ser Val Cys Pro	GTC CCT CAC CTA GGG GAC AGG GAG AAG AGA GAT AGT GTG TGT CCC	306	315	324	333	342

20	25	30				
Gln Gly Lys Tyr Ile His Pro Gln Asn Asn Ser Ile Cys Cys Thr	CAA GGA AAA TAT ATC CAC CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT ACC	351	360	369	378	387

35	40	45				
Lys Cys His Lys Gly Thr Tyr Leu Tyr Asn Asp Cys Pro Gly Pro	AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC TGT CCA GGC CCG	396	405	414	423	432

50	55	60				
Gly Gln Asp Thr Asp Cys Arg Glu Cys Glu Ser Gly Ser Phe Thr	GGG CAG GAT ACG GAC TGC AGG GAG TGT GAG ACC GGC TCC TTC ACC	441	450	459	468	477

65	70	75				
Ala Ser Glu Asn His Leu Arg His Cys Leu Ser Cys Ser Lys Cys	GCT TCA GAA AAC CAC CTC AGA CAC TGC CTC AGC TGC TCC AAA TGC	486	495	504	513	522

80	85	90				
Arg Lys Glu Met Gly Gln Val Glu Ile Ser Ser Cys Thr Val Asp	CGA AAG GAA ATG GGT CAG GTG GAG ATC TCT TCT TGC ACA GTG GAC	531	540	549	558	567

95	100	105				
Arg Asp Thr Val Cys Gly Cys Arg Lys Asn Gln Tyr Arg His Tyr	CGG GAC ACC GTG TGT GGC TGC AGG AAG AAC CAG TAC CGG CAT TAT	576	585	594	603	612

110	115	120				
Trp Ser Glu Asn Leu Phe Gln Cys Phe Asn Cys Ser Leu Cys Leu	TGG AGT GAA AAC CTT TTC CAG TGC TTC AAT TGC AGC CTC TGC CTC	621	630	639	643	657

Fig.1/2

125	130	135
Asn Gly Thr Val His Leu Ser Cys Gln Glu Lys Gln Asn Thr Val		
AAT GGG ACC GTG CAC CTC TCC TGC CAG GAG AAA CAG AAC ACC GTG		
666	675	684
		693
		702
.....		
140	145	150
Cys Thr Cys His Ala Gly Phe Phe Leu Arg Glu Asn Glu Cys Val		
TGC ACC TGC CAT GCA GGT TTC TTT CTA AGA GAA AAC GAG TGT GTC		
711	720	729
		738
		747
.....		
155	160	165
Ser Cys Ser Asn Cys Lys Lys Ser Leu Glu Cys Thr Lys Leu Cys		
TCC TGT AGT AAC TGT AAG AAA AGC CTG GAG TGC ACG AAG TTG TGC		
756	765	774
		783
		792
.....		
170	175	180
Leu Pro Gln Ile Glu Asn Val Lys Gly Thr Glu Asp Ser Gly Thr		
CTA CCC CAG ATT GAG AAT GTT AAG GGC ACT GAG GAC TCA GGC ACC		
801	810	819
		828
		837
.....		
185	190	195
Thr Val Leu Leu Pro Leu Val Ile Phe Phe Gly Leu Cys Leu Leu		
ACA GTG CTG TTG CCC CTG GTC ATT TTC TTT GGT CTT TGC CTT TTA		
846	855	864
		873
		882
.....		
200	205	210
Ser Leu Leu Phe Ile Gly Leu Met Tyr Arg Tyr Gln Arg Trp Lys		
TCC CTC CTC TTC ATT GGT TTA ATG TAT CGC TAC CAA CGG TGG AAG		
891	900	909
		918
		927
.....		
215	220	225
Ser Lys Leu Tyr Ser Ile Val Cys Gly Lys Ser Thr Pro Glu Lys		
TCC AAG CTC TAC TCC ATT GTT TGT GGG AAA TCG ACA CCT GAA AAA		
936	945	954
		963
		972
.....		
230	235	240
Glu Gly Glu Leu Glu Gly Thr Thr Thr Lys Pro Leu Ala Pro Asn		
GAG GGG GAG CTT GAA GGA ACT ACT ACT AAG CCC CTG GCC CCA AAC		
981	990	999
		1008
		1017
.....		
245	250	255
Pro Ser Phe Ser Pro Thr Pro Gly Phe Thr Pro Thr Leu Gly Phe		
CCA AGC TTC AGT CCC ACT CCA GGC TTC ACC CCC ACC CTG GGC TTC		
1026	1035	1044
		1053
		1062
.....		
260	265	270
Ser Pro Val Pro Ser Ser Thr Phe Thr Ser Ser Ser Thr Tyr Thr		
AGT CCC GTG CCC AGT TCC ACC TTC ACC TCC AGC TCC ACC TAT ACC		
1071	1080	1089
		1098
		1107
.....		
275	280	285
Pro Gly Asp Cys Pro Asn Phe Ala Ala Pro Arg Arg Glu Val Ala		
CCC GGT GAC TGT CCC AAC TTT GCG GCT CCC CGC AGA GAG GTG GCA		
1116	1125	1134
		1143
		1152

Fig.1/3

290	295	300
Pro Pro Tyr Gln Gly Ala Asp Pro	Ile Leu Ala Thr Ala Leu Ala	
CCA CCC TAT CAG GGG GCT GAC CCC ATC CTT GCG ACA GCC CTC GCC		
1161 1170 1179	1188	1197
.....		
305	310	315
Ser Asp Pro Ile Pro Asn Pro Leu Gln Lys Trp Glu Asp Ser Ala		
TCC GAC CCC ATC CCC AAC CCC CTT CAG AAG TGG GAG GAC AGC GCC		
1206 1215 1224	1233	1242
.....		
320	325	330
His Lys Pro Gln Ser Leu Asp Thr Asp Asp Pro Ala Thr Leu Tyr		
CAC AAG CCA CAG AGC CTA GAC ACT GAT GAC CCC GCG ACG CTG TAC		
1251 1260 1269	1278	1287
.....		
335	340	
Ala Val Val Glu Asn Val Pro Pro Leu Arg Trp		
GCC GTG GTG GAG AAC GTG CCC CCG TTG CGC TGG AA <u>GGAATTC</u>		
1296 1305 1314	1323	1332

Fig.2

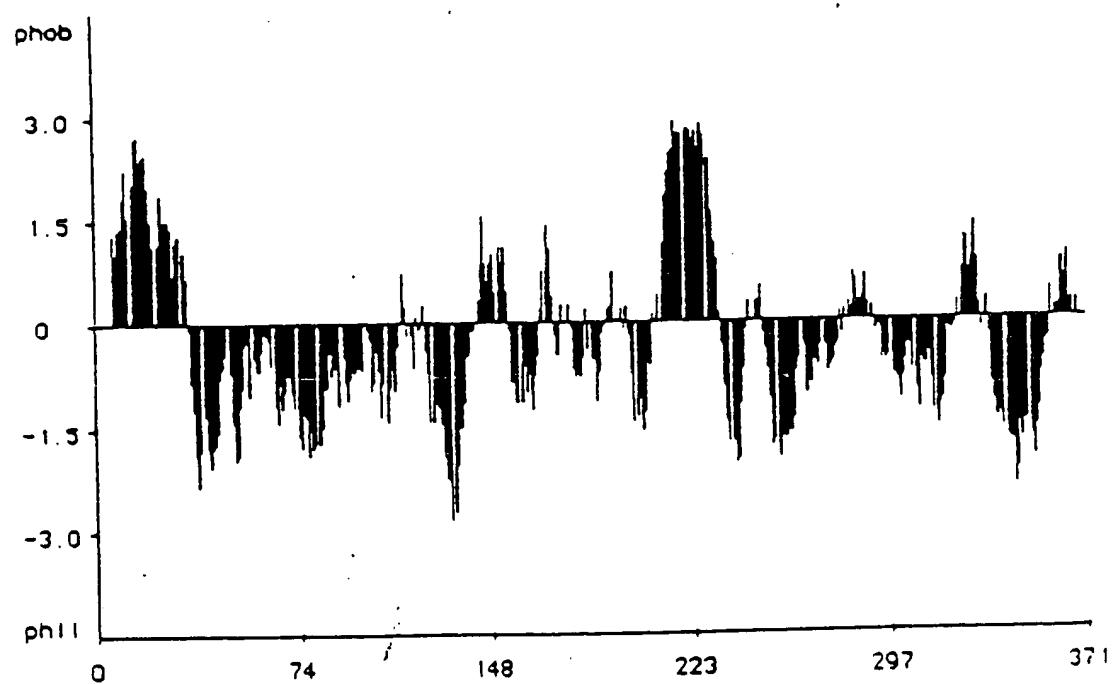


Fig. 4

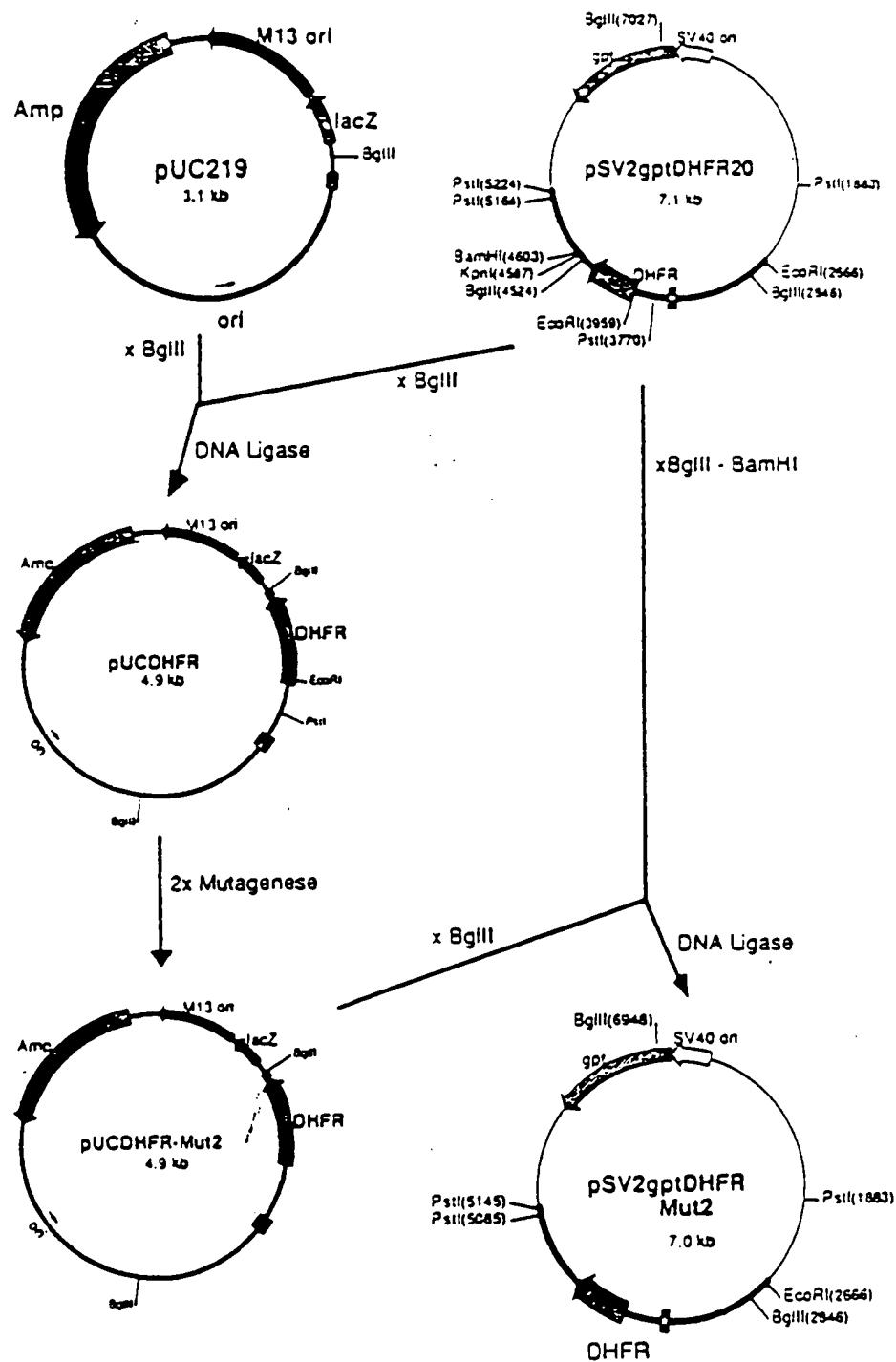


Fig.5

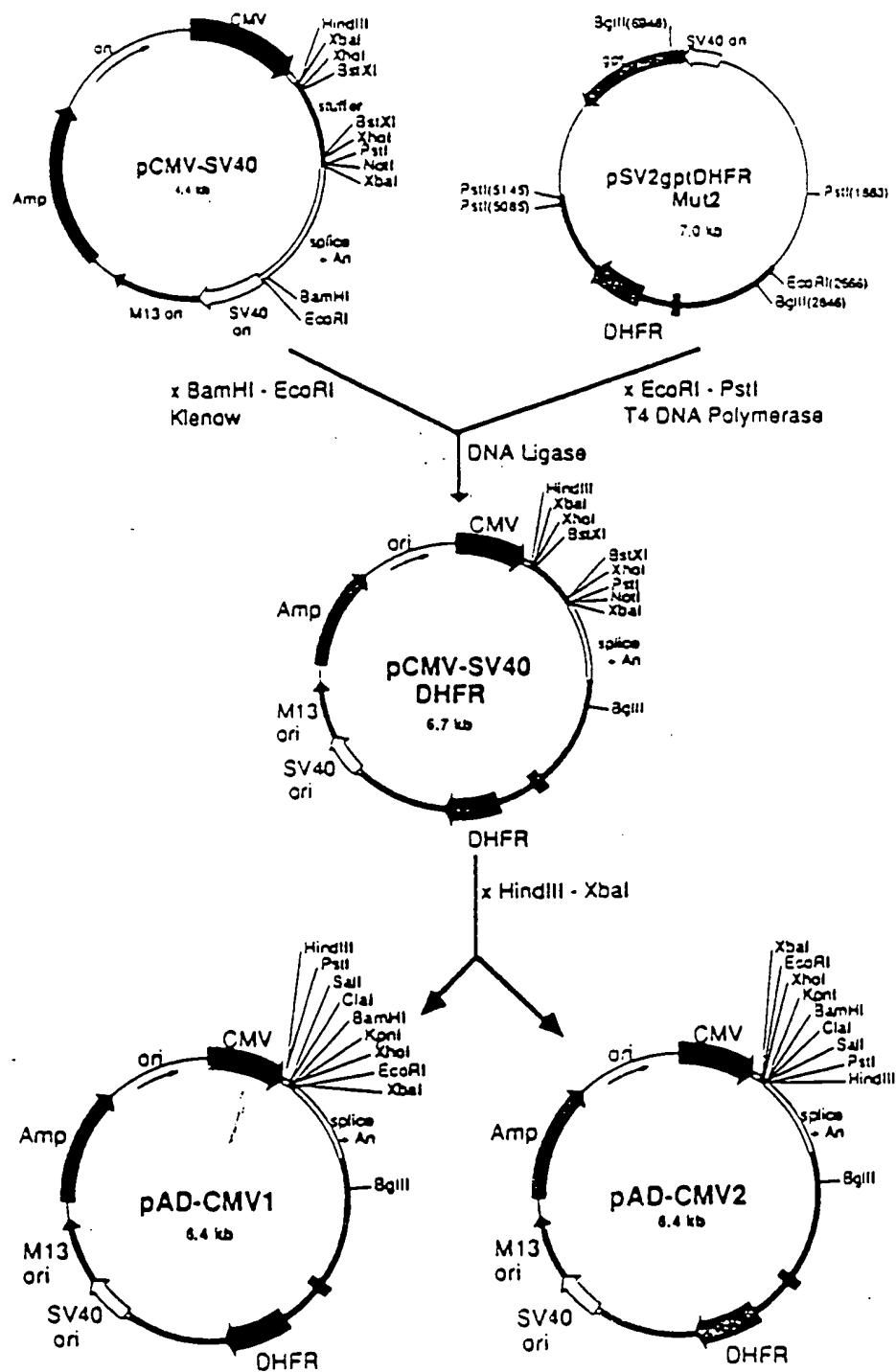


Fig.6/1

pAD-CMV1 : 6414 bp

TCGACATTGA TTATTGACTA GTTATTAATA GAAATCAATT ACGGGTCAT TAGTTCATAG	50
CCCATATATG GAGTTCCCGG TTACATAACT TACGGTAAAT GGCCCGCCTG GCTGACCCGC	120
CAACGACCCC CGCCCATGCA CGTCAATAAT GACGTATGTT CCCATAGTAA CGCCAATAGG	130
GACTTTCCAT TGACGTCAAT GGGTGGAGTA TTTACGGTAA ACTGCCCACT TGGCACTACA	240
TCAAGTGTAT CATAATGCCAA GTACGCCCCC TATTGACGTC AATGACGGTA AATGGCCCCG	300
CTGGCATTAT GCCCAGTACA TGACCTTATG GGACTTCCT ACTTGGCAGT ACATCTACGT	360
ATTAAGICATC GCTATTACCA TGGTGATGCG GTTTGGCAG TACATCAATG GCGGTGGATA	420
GCGGTTTGAC TCACGGGGAT TTCCAAGTCT CCACCCCCATT GACGTCAATG GGAGTTGTT	480
TTGGCACCAA AATCAACGGG ACTTCCAAA ATGTCGTAAAC AACTCCGCC CATTGACGCA	540
AATGGGGCGGT AGGCCTGTAC GGTGGGAGGT CTATATAAGC AGAGCTCTCT GGCTAACTAG	600
AGAACCCACT GCTTAACTGG CTTATCGAAA TTAATACGAC TCACTATAGG GAGACCCAAG	660
CTTCTGCAGG TCGACATCGA TGGATCCGGT ACCTCGAGCG CGAATTCTCT AGAGGAICTT	720
TGTGAAGGAA CCTTACTTCT GTGGTGTGAC ATAATTGGAC AACTACCTA CAGAGATTAA	780
AAGCTCTAAG GTAAATATAA AATTTTAAG TGTATAATGT GTTAAACTAC TGATTCTAAT	840
TGTTTGTGTA TTTAGATTC CAAACCTATGG AACTGATGAA TGGGAGCAGT GGTGGAATGC	900
CTTTAATGAG GAAAACCTGT TTTGCTCAGA AGAAATGCCA TCTAGTGTG ATGAGGCTAC	960
TGCTGACTCT CAACATTCTA CTCCTCCAAA AAAGAAGAGA AAGGTAGAAG ACCCCAAAGGA	1020
CTTCCTTCA GAATTGCTAA GTTTTGAG TCATGCTGTG TTTAGTAATA GAACTCTTGC	1080
TTGCTTGCT ATTTACACCA CAAAGGAAAA AGCTGCACTG CTATACAAGA AAATTATGGA	1140
AAAATATTTG ATGTATACTG CCTTGACTAG AGATCATAAT CAGCCATACC ACATTGAG	1200
AGGTTTACT TGCTTTAAA AACCTCCCAC ACCTCCCCCT GAACCTGAAA CATAAAATGA	1260
ATGCAATTGT TGTTGTTAAC TTGTTTATTG CAGCTTATAA TGGTACAAA TAAAGCAATA	1320
GCATCACAAA TTTCACAAAT AAAGCATTTC TTTCACTGCA TTCTAGTTGT GGTTTGTCCA	1380
AACTCATCAA TGTATCTTAT CATGTCTGGA TCAATTCTGA GAAACTAGCC TAAAGACAG	1440
ACAGCTTTGT TCTAGTCAGC CAGGCAAGCA TATGTAATAA AAGTCCCTCA GGGAACTGAG	1500
GTAAAGAT GTATCCTGGA CCTGCCAGAC CTGGCCATTC ACGTAAACAG AAGATTCCGC	1560
CTCAAGTTCC GGTTAACAAAC AGGAGGCAAC GAGATCTCAA ATCTATTACT TCTAATCGGG	1620
TAATTAACAC CTTTCAACTA AAAACACGGAC CCACGGATGT CACCCACTTT TCCTTCCCCG	1680
GCTCCGGCCCT TCTCAGTACT CCCCACCATT AGGCTCGCTA CTCCACCTCC ACTTCCGGGC	1740

Fig.6/2

GGCACACCCA CGTCCCCCTCT CCCACCCGAC GCTAACCCCG CCCCTGCCCG TCTGACCCCCG	1300
CCCACCCACCT GGCCCCCGCC CGTTGAGGAC AGAAGAAACC CCGGGCAGCC GCAGCCAAGG	1350
CGGACGGGTA GACGCTGGGG GCGCTGAGGA GTCTCTCTCT ACCTTCTCTG CTGGCTCGGT	1320
GGGGGACGCG GTGGATCTCA GGCTTCCGGA AGACTGGAAG AACCCGCTCA GAACCGCTTG	1980
TCTCCGCGGG GCTTGGCGG CGGAAGAATG GCCGCTAGAC GCGGACTTGG TGCGAGGCAT	2040
CGCAGGATGC AGAAGAGCAA GCCCGCCGGG AGCGCGCCGGC TGTACTACCC CGCGCCTGGA	2100
GCGGCCACGC CGGACTGGGC GGGGCCGGCC TGGTGGAGGC GGAGTCTGAC CTCGTGGAGG	2160
CGGGGCCTCT GATGTTCAAA TAGGATGCTA GGCTTGTGA GGCGTGGCCT CCGATTACACA	2220
AGTGGGAAGC AGCGCCGGC GACTGCAATT TCGGCCAAA CTTGGGGAA GCACAGCGTA	2280
CAGGCTGCCT AGGTGATCGC TGCTGCTGTC ATGGTTGAC CGCTGAACIG CATCGTCGCC	2340
GTGTCCCAGA ATATGGGCAT CGGCAAGAAC GGAGACCTTC CCTGCCAAT GCTCAGGTAC	2400
TGGCTGGATT GGCTTAGGGA AACCGAGGCG GTTCGCTGAA TCGGGTCGAG CACTTGGCGG	2460
AGACGCGCGG GCCAACTACT TAGGGACAGT CATGAGGGGT AGGCCCAGCG GCTGCTGCC	2520
TTGCCCATGCG CGCGGGTGTAT CCCCATGCTG TGCCAGCCTT TGCCAGAGG CGCTCTAGCT	2580
GGGAGCAAAG TCCGGTCACT GGGCAGCACC ACCCCCCCGA CTTGCATGGG TAGCCGCTGA	2640
GATGGAGCCT GAGCACACGT GACAGGGTCC CTGTTAACGC AGTGTTCCTC TAACTTTCAG	2700
GAACGAGTTC AAGTACTTCC AAAGAATGAC CACCACCTCC TCAGTGGAAAG GTAAACAGAA	2760
CCTGGTGATT ATGGGCCGGA AAACCTGGTT CTCCATTCTT GAGAAGAAC GACCTTTAAA	2820
GGACAGAAATT AATATAGTTC TCAGTAGAGA GCTCAAGGAA CCACCAAGAG GAGCTCATT	2880
TCTTGCCAAA AGTCTGGACC ATGCCCTAAA ACTTATTGAA CAACCAAGT TAGCAGATAA	2940
AGTGGACATG GTTGGATAG TTGGAGGCAG TTCCGTTAC AAGGAAGCCA TGAATCAGCC	3000
AGGCCATCTC AGACTCTTGT TGACAAGGAT CATGCAGGAA TTTGAAAGTG ACACGTTCTT	3060
CCCAGAAATT GATTTGGAGA AATATAACT TCTCCCAGAG TACCCAGGGG TCCTTTCTGA	3120
AGTCCAGGAG GAAAAAGGCA TCAAGTATAA ATTTGAAGTC TATGAGAAGA AAGGCTAAC	3180
GAAAGATACT TGCTGATTGA CTTCAAGTTC TACTGCTTTC CTCTAAAT TATGCATTT	3240
TACAAGACCA TGGGACTTGT GTTGGCTTTA GATCCTGTGC ATCCCTGGCA ACTGTTGTAC	3300
TCTAAGCCAC TCCCCAAAGT CATGCCCCAG CCCCTGTATA ATTCTAAACCA ATTAGAATT	3360
TTTCATTTT CATTAGTCTA ACCAGGTTAT ATTAAATATA CTTAAGAAA CACCAATTGC	3420
CATAAAAGTTC TCAATGCCCG TCCCATGCAG CCTCAAGTGG CTCCCCAGCA GATGCATAGG	3480
GTAGTGTGTG TACAAGAGAC CCCAAAGACA TAGAGCCCT GAGAGCATGA GCTGATATGG	3540

Fig. 6/3

GGGCTCATAG AGATAGGAGC TAGATGAATA AGTACAAAGG GCAGAAATGG GTTTAACCA	3600
GCAGAGCTAG AACTCAGACT TAAAGAAAA TTAGATCAA GTAGAGACTG AATTATTCTG	3660
CACATCAGAC TCTGAGCAGA GTTCTGTTCA CTCAGACAGA AAAATGGTAA ATTGAGAGCT	3720
GGCTCCATTG TGCTCCTTAG AGATGGGAGC AGGTGGAGGA TTATATAAGG TCTGGAACAT	3780
TTAACCTCTC CGTTCTCAT CTTCAAGTGTGAG ATTCCAAGGG ATACTACAAT TCTGTGGAAT	3840
GTGTGTCAGT TAGGGTGTGG AAAGTCCCCA GGCTCCCCAG CAGGCAGAAG TATGCAAAGC	3900
ATGCATCTCA ATTAGTCAGC AACCAAGGTGT GGAAAGTCCC CAGGCTCCCC AGCAGGCAGA	3960
AGTATGCAAA GCATGCATCT CAATTAGTCAGA GCAACCCTAG TCCCCCCCCCT AACTCCGCC	4020
ATCCCGCCCC TAACCTCCGCC CAGTTCCGCC CATTCTCCGC CCCAIGGCTG ACTAATTTT	4080
TTTATTTATG CAGAGGCCGA GGCGCCTCTG AGCTATTCCA GAAGTAGTGA GGAGGCTTT	4140
TTGGAGGCCT AGGCTTTGC AAAAAAGCTA ATTCAAGCTG AATGGCGAAT GGGACGCGCC	4200
CTGTAGCGGC GCATTAAGCG CGCGGGGTGT GGTGGTTACG CGCAGCGTGA CCCCTACACT	4260
TGCCAGCGCC CTAGCGCCCG CTCCCTTCGC TTCTTCCCT TCCTTCTCG CCACGTTCCG	4320
CGGCTTTCCC CGTCAAGCTC TAAATCGGGG GCTCCCTTA GGGTCCCGAT TTAGTGCCTT	4380
ACGGCACCTC GACCCCAAAA ACTTGATTAG GGTGATGGTT CACGTAGTGG GCCATCGCCC	4440
TGATAGACGG TTTTCGCCCG TTGACGTTG GAGTCCACGT TCTTTAATAG TGGACTCTT	4500
TTCCAAACTG GAACAACACT CAACCCCTATC TCGGTCTATT CTTTGATTT ATAAAGGGATT	4560
TTGCCGATTT CGGCCTATTG GTTAAAAAAT GAGCTGATTT AACAAAAAATT TAACGCGAAT	4620
TTTAACAAAA TATTAACGTT TACAATTCA GGTGGCACTT TTGCGGGAAA TGTGCGCGGA	4680
ACCCCTATTT GTTTATTTT CTAAATACAT TCAAATATGT ATCCGCTCAT GAGACAATAA	4740
CCCTGATAAA TGCTTCAATA ATATTGAAAA AGGAAGAGTA TGAGTATTCA ACATTTCCGT	4800
GTCGCCCTTA TTCCCTTTTG TGCGGCATT TGCGCTCTG TTTTGCTCA CCCAGAAACG	4860
CTGGTGAAAG TAAAGATGC TGAAGATCAG TTGGGTGCAC GAGTGGGTTA CATCGAACTG	4920
GATCTCAACA GCGGTAAGAT CTTGAGAGT TTGCGCCCCG AAGAACGTTT TCCAAATGATG	4980
AGCACTTTA AAGTTCTGCT ATGTGGCGCG GTATTATCCC GTATTGACGC CGGGCAAGAG	5040
CAACTCGGTC GCCGCATACA CTATTCTCAG AATGACTTGG TTGAGTACTC ACCAGTCACA	5100
GAAAAGCATC TTACGGATGG CATGACAGTA AGAGAATTAT GCAGTGCTGC CATAACCATG	5160
AGTGATAACA CTGCGGCCAA CTTACTTCTG ACAACGATCG GAGGACCGAA GGAGCTAAC	5220
GCTTTTTGC ACAACATGGG GGATCATGTA ACTCGCCCTG ATCGTTGGGA ACCGGAGCTG	5280
AATGAAGCCA TACCAAAACGA CGAGCGTGAC ACCACGATGC CTGTAGCAAT GGCAACAAACG	5340

Fig. 6/4

TTGCGCAAAAC TATTAACCTGG CGAACTACTT ACTCTAGCTT CCCGGCAACA ATTAATAGAC	5400
TGGATGGAGG CGGATAAAGT TGCAGGACCA CTTCTGGCT CGGCCCTTCC GGCTGGCTGG	5460
TTTATTGCTG ATAAATCTGG AGCCGGTGAG CGTGGGTCTC GCGGTATCAT TGCAGCACTG	5520
GGGCCAGATG GTAAGCCCTC CCGTATCGTA GTTATCTACA CGACGGGGAG TCAGGCACCT	5580
ATGGATGAAC GAAATAGACA GATCGCTGAG ATAGGTGCCT CACTGATTAA GCATTGGTAA	5640
CTGTCAGACC AAGTTTACTC ATATATACTT TAGATTGATT TAAAACTTCA TTTTTAATT	5700
AAAAGGATCT AGGTGAAGAT CCTTTTGAT AATCTCATGA CCAAAATCCC TTAACGTGAG	5760
TTTCGTTCC ACTGAGCGTC AGACCCCGTA GAAAAGATCA AAGGATCTTC TTGAGATCCT	5820
TTTTTCTGC GCGTAATCTG CTGCTTGCAA ACAAAAAAAC CACCGCTACC AGCGGTGGTT	5880
TGTTTGCCGG ATCAAGAGCT ACCAAACTCTT TTTCCGAAGG TAATGGCTT CAGCAGAGCG	5940
CAGATACCAA ATACTGTCCCT TCTAGTGTAG CCGTAGTTAG GCCACCACTT CAAGAACTCT	6000
GTAGCACCGC CTACATAACCT CGCTCTGCTA ATCCGTGTAC CAGTGGCTGC TGCCAGTGGC	6060
GATAAGTCGT GTCTTACCGG GTTGGACTCA AGACGATACT TACCGGATAA GGCGCAGCGG	6120
TCGGGCTGAA CGGGGGGTTG GTGCACACAG CCCAGCTTGG AGCGAACGAC CTACACCGAA	6180
CTGAGATACC TACAGCGTGA GCATTGAGAA AGCGCCACGC TTCCCGAAGG GAGAAAAGGCG	6240
GACAGGTATC CGGTAAAGCGG CAGGGTCGGA ACAGGAGAGC GCACGAGGGG GCTTCCAGGG	6300
GGAAACGCCT GGTATCTTA TAGTCCTGTC GGGTTTCGCC ACCTCTGACT TGAGCGTCGA	6360
TTTTGTGAT GCTCGTCAGG GGGGCGGAGC CTATGGAAAA ACGCCAGCAA CGCC	

Fig.7A

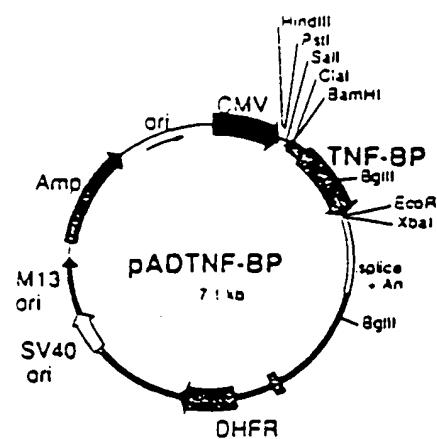


Fig.7B

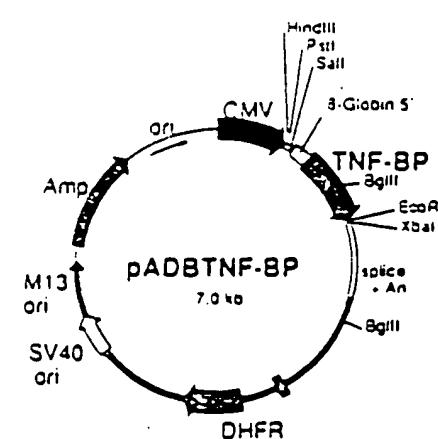


Fig.7C

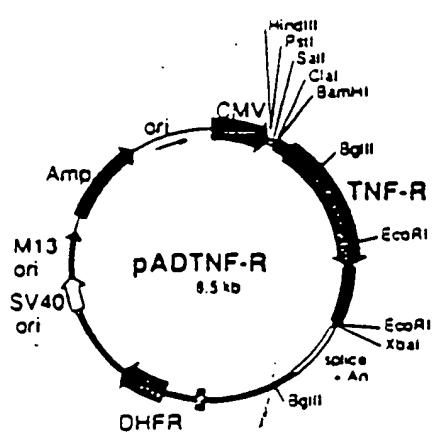


Fig.7D

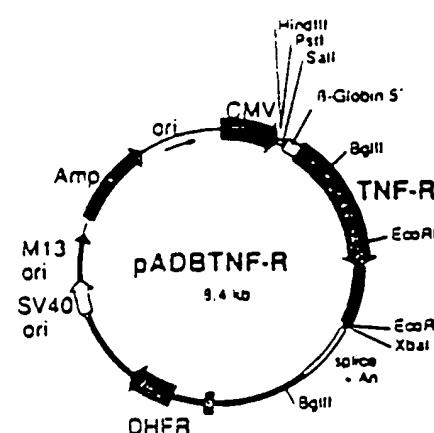


Fig. 8/1

catNE-R

GAA TCC CTT TCT CCG AGTT TCT GAA CTC TGG CTC ATG A TCG GGG CTT AC TGG ATG CAG GAG 60
 AAT CCT GGAG GAC CGT ACC C TG AT TCC AT CTAC CTC TG A CTT T GAG CTC TT CTA ACC CG 120
 GGG CTC AC CGC TG CCA AAC ACC CGG GCG AC CTC GGT CCG AT CG TCT TACT TCA TT CAC CAG CGC 180
 TT CCA ATT G TG CCG CTG CCC AGC CCA AT GGG GAG T GAG A GGG CCG ACT GCG CGC 240
 GGAC
 245/1 275/11
 ATG GGT CTC CCC ATC GTG CCT GGC CTG CTG TCA CTG GTG CTC CTG GCT CTG CTG ATG
 Met Gly Leu Pro Ile Val Pro Gly Leu Leu Ser Leu Val Leu Leu Ala Leu Leu Met 305/21 335/31
 GGG ATA CAC CCA TCA GGG GTC ACC GGA CTG GTT CCT TCT CTT GGT GAC CGG GAG AAG AGG
 Gly Ile His Pro Ser Gly Val Thr Gly Leu Val Pro Ser Leu Gly Asp Arg Glu Lys Arg 365/41 395/51
 GAT AAT TTG TGT CCC CAG GGA AAG TAT GGC CAT CCA AAG AAT AAT TCC ATC TGC TGC ACC
 Asp Asn Leu Cys Pro Gln Gly Lys Tyr Ala His Pro Lys Asn Asn Ser Ile Cys Cys Thr 425/61 455/71
 AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG GIG AGT GAC TGT CCA AGC CCA GGG CAG GAA ACA GTC
 Lys Cys His Lys Gly Thr Tyr Leu Val Ser Asp Cys Pro Ser Pro Gly Gln Glu Thr Val 485/81 515/91
 TGC GAG CTC TCT CAT AAA GGC ACC TTT ACA GCT TCG CAG AAC CAC GTC AGA CAG TGT CTC
 Cys Glu Leu Ser His Lys Gly Thr Phe Thr Ala Ser Gln Asn His Val Arg Gln Cys Leu 545/101 575/111
 AGT TGC AAG ACA TGT CGG AAA GAA ATG TTC CAG GTG GAG ATT TCT CCT TGC AAA GCT GAC
 Ser Cys Lys Thr Cys Arg Lys Glu Met Phe Gln Val Glu Ile Ser Pro Cys Lys Ala Asp 605/121 635/131
 ATG GAC ACC GTG TGT GGC TGC AAG AAG AAC CAA TTC CAG CGC TAC CTG AGT GAG ACG CAT
 Met Asp Thr Val Cys Gly Cys Lys Asn Gln Phe Gln Arg Tyr Leu Ser Glu Thr His 665/141 695/151
 TTC CAG TGT GTG GAC TGC AGC CCC TGC ATT GGC ACC GTG ACA ATC CCC TGT AAG GAG
 Phe Gln Cys Val Asp Cys Ser Pro Cys Phe Asn Gly Thr Val Thr Ile Pro Cys Lys Glu 725/161 755/171
 AAA CAG AAC ACC GTG TGT AAC TGC CAC GCA GGA TTC TTT CTA AGC GGA AAT GAG TGC ACC
 Lys Gln Asn Thr Val Cys Asn Cys His Ala Gly Phe Leu Ser Gly Asn Glu Cys Thr 785/181 815/191
 CCT TGC AGC CAC TGC AAG AAA ATT CAG GAA TGT ATG AAG CTG TGC CTA CCT CCA GTT GCA
 Pro Cys Ser His Cys Lys Asn Gln Glu Cys Met Lys Leu Cys Leu Pro Pro Val Ala 845/201 875/211
 AAT GTC ACA AAC CCC CAG GAC TCA GGT ACT GCC GTG CTG TTG CCT CTG GTT ATC TTC CTA
 Asn Val Thr Asn Pro Gln Asp Ser Gly Thr Ala Val Leu Leu Pro Leu Val Ile Phe Leu 905/221 935/231
 GGT CTT TGC CTT TTA TTC TTT ATC TGC ATC AGT CTA CTG TGC CGA TAT CCC CAG TGG AGG
 Gly Leu Cys Leu Leu Phe Thr Ile Cys Ile Ser Leu Leu Cys Arg Tyr Pro Gln Thr Arg 965/241 995/251
 CCC AGG GTC TAC TCC ATC ATT TGT AGG GAT TCA GCT CCT GTC AAA GAG GTG GAG GGT GAA
 Pro Arg Val Tyr Ser Ile Ile Cys Arg Asp Ser Ala Pro Val Lys Glu Val Gly Glu 1025/261 1055/271
 GGA ATT GTT ACT AAG CCC CTA ACT CCA GCC TCT ATC CCA GCC TTC AGC CCC AAC CCC GGC
 Gly Ile Val Thr Lys Pro Leu Thr Pro Ala Ser Ile Pro Ala Phe Ser Pro Asn Pro Gly 1085/281 1115/291
 TTC AAC CCC ACT CTG GGC TTC AGC ACC CCA CGC TTC AGT CAT CCT GTC TCC AGT ACC
 Phe Asn Pro Thr Leu Gly Phe Ser Thr Thr Pro Arg Phe Ser His Pro Val Ser Thr 1145/301 1175/311
 CCC ATC AGC CCC GTC TTC GGT CCT AGT AAC TGG CAC AAC TTC GTG CCA CCT GTC AGA GAG
 Pro Ile Ser Pro Val Phe Gly Pro Ser Asn Thr His Asn Phe Val Pro Pro Val Arg Glu 1205/321 1235/331
 GTG GTC CCA ACC CAG GG7 GCT GAC CCT CTC CTC TAC GGA TCC CTC AAC CCT GTG CCA ATC
 Val Val Pro Thr Gln Gly Ala Asp Pro Leu Leu Tyr Gly Ser Leu Asn Pro Val Pro Ile 1265/341 1295/351
 CCC GCC CCT GTT CGG AAA TCG GAA GAC GTC GTC GCG GCC CAG CCA CAA CGG CTT GAC ACT

Fig. 8/2

Pro Ala Pro Val Arg Lys Thr Glu Asp Val Val Ala Ala Gln Pro Gln Arg Leu Asp Thr
 1325/361 1355/371
 GCA GAC CCT GCG ATG CTG TAT CCT GTG GTG GAT GGC GTG CCT CCG ACA CGC TGG AAG GAG
 Ala Asp Pro Ala Met Leu Tyr Ala Val Val Asp Gly Val Pro Pro Thr Arg Thr Lys Glu
 1335/381 1415/391
 TTG ATG CGG CTC CTG GGG CTG ACC GAG CAC GAG ATC GAG CGG CTG GAG CTG CAG AAC GGG
 Phe Met Arg Leu Leu Gly Leu Ser Glu His Glu Ile Glu Arg Leu Glu Leu Gln Asn Gly
 1445/401 1475/411
 CGT TGC CTC CGC GAG GCT CAT TAC AGC ATG CTG GAA GCC TGG CGG CGC CGC ACA CCG CGA
 Arg Cys Leu Arg Glu Ala His Tyr Ser Met Leu Glu Ala Thr Arg Arg Arg Thr Pro Arg
 1505/421 1535/431
 CAC GAG GCC ACG CTG GAC GTC GTG GGC CGC GTG CTT TGC GAC ATG AAC CTG CGT GGC TGC
 His Glu Ala Thr Leu Asp Val Val Gly Arg Val Leu Cys Asp Met Asn Leu Arg Gly Cys
 1565/441 1595/451
 CTG GAG AAC ATC CGC GAG ACT CTA GAA AGC CCT GCC CAC TCG TCC ACG ACC CAC CTC CGG
 Leu Glu Asn Ile Arg Glu Thr Leu Glu Ser Pro Ala His Ser Ser Thr Thr His Leu Pro
 1625/461
 CGA TAA
 Arg Stop

GGCCACACCC	CCACCTCAGG	AACGGGACTC	GAAGGGACCAT	CCTGCTAGAT	1680
CCCCGCTTC	CCTGTGAACC	TCCTCTTTGG	TCCTCTAGGG	GGCAGGGCTCG	1740
CTCGATCTGG	CAGCCACTTC	CTTGGGTGCTA	CCGACTTGGT	GTACATAGCT	1800
GCCGAGGACA	CCCTGTGCCA	GCCACTTGTG	CATGGCAGGG	AAGTGTGCCA	1860
GACAGCTGAG	GGTCCCCAAA	GCCAGGAGAG	GTGATTGTGG	AGAAAAAAGCA	1920
GATAACCCACT	TGGGATGCAA	GGACCCAAAAC	AAAGCTTCTC	AGGGCCTCCT	1980
CTGGGCCCTT	TTCACAGTAG	ATAAAACAGT	CTTTGTATTG	ACTATATCAC	2040
GAACGGTTGA	ACTCCCTAAG	GTAGGGCAA	GCACAGAAC	GTGGGGTCTC	2100
CCCCGACTCT	TGTAAATACA	CTAAAAATCT	AAAAGTAAA	AAAAAAGAAA	2160
AAAAAAGGAA	TTC				

Fig. 9/1

hUTNF-R

GAATTCTCTG	GAATGAGGCT	CCAGTTCTGG	CCCTTGGGGT	TCAGATCAC	TGGGACCAGG	50													
CCGTGATCTC	TATGCCGAG	TCTCAACCT	CAACTGTCAC	CCCAAGGCAC	TTGGGACGTC	120													
CTGGACAGAC	CGAGTCCCG	GAAGCCCCAG	CACTGCGGCT	CCCACACTGC	CCTGAGCCCCA	130													
AATGGGGGAG	TGAGAGGCCA	TAGCTGCTG	GC																
213/1						243/11													
ATG	GGC	CTC	TCC	ACC	GTG	CCT	GAC	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	GAG	CTG	TTG	GTG			
Met	Gly	Leu	Ser	Thr	Val	Pro	Asp	Leu	Leu	Leu	Pro	Leu	Val	Leu	Leu	Glu	Leu	Leu	Val
273/21						303/31													
GGA	ATA	TAC	CCC	TCA	GGG	GTT	ATT	GGA	CTG	GTC	CCT	CAC	CTA	GGG	GAC	AGG	GAG	AAG	AGA
Gly	Ile	Tyr	Pro	Ser	Gly	Val	Ile	Gly	Leu	Val	Pro	His	Leu	Gly	Asp	Arg	Glu	Lys	Arg
333/41						363/51													
GAT	AGT	GTG	TGT	CCC	CAA	GGG	AAA	TAT	ATC	CAC	CCT	CAA	AAT	AAT	TCG	ATT	TGC	TGT	ACC
Asp	Ser	Val	Cys	Pro	Gln	Gly	Tys	Ile	His	Pro	Gln	Asn	Asn	Ser	Ile	Cys	Cys	Thr	
393/61						423/71													
AAG	TGC	CAC	AAA	GGG	ACC	TAC	TTG	TAC	AAT	GAC	TGT	CCA	GGC	CCG	GGG	CAG	GAT	ACG	GAC
Lys	Cys	His	Lys	Gly	Thr	Tyr	Leu	Tyr	Asn	Asp	Cys	Pro	Gly	Pro	Gly	Gln	Asp	Thr	Asp
453/81						483/91													
TGC	AGG	GAG	TGT	GAG	ACC	GGG	TCC	TTC	ACC	GCT	TCA	GAA	AAC	CAC	CTC	AGA	CAC	TGC	CTC
Cys	Arg	Glu	Cys	Glu	Ser	Gly	Ser	Phe	Thr	Ala	Ser	Glu	Asn	His	Leu	Arg	His	Cys	Leu
513/101						543/111													
AGC	TGC	TCC	AAA	TGC	CGA	AAG	GAA	ATG	GGT	CAG	GTG	GAG	ATC	TCT	TCT	TGC	ACA	GTC	GAC
Ser	Cys	Ser	Lys	Cys	Arg	Lys	Glu	Met	Gly	Gln	Val	Glu	Ile	Ser	Ser	Cys	Thr	Val	Asp
573/121						603/131													
CGG	GAC	ACC	GTG	TGT	GGC	TGC	AGG	AAG	AAC	CAG	TAC	CGG	CAT	TAT	TGG	AGT	GAA	AAC	CTT
Arg	Asp	Thr	Val	Cys	Gly	Cys	Arg	Lys	Asn	Gln	Tyr	Arg	His	Tyr	Tyr	Ser	Glu	Asn	Leu
633/141						663/151													
TTC	CAG	TGC	TTC	AAT	TGC	AGC	CTC	TGC	CAC	AAT	GGG	ACC	GTG	CAC	CTC	TCC	TGC	CAG	GAG
Phe	Gln	Cys	Phe	Asn	Cys	Ser	Leu	Cys	Leu	Asn	Gly	Thr	Val	His	Leu	Ser	Cys	Gln	Glu
693/161						723/171													
AAA	CAG	AAC	ACC	GTG	TGC	ACC	TGC	CAT	GCA	GGT	TTC	TTT	CTA	AGA	GAA	AAC	GAG	TGT	GTC
Lys	Gln	Asn	Thr	Val	Cys	Thr	Cys	His	Ala	Gly	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	Asn	Glu	Cys	Val
753/181						783/191													
TCC	TGT	AGT	AAC	TGT	AAG	AAA	AGC	CTG	GAG	TGC	ACG	AAG	TTG	TGC	CTA	CCC	CAG	ATT	GAG
Ser	Cys	Ser	Asn	Cys	Lys	Ser	Leu	Glu	Cys	Thr	Lys	Leu	Cys	Leu	Pro	Gln	Ile	Glu	
813/201						843/211													
AAT	GTT	AAG	GGC	ACT	GAG	GAC	TCA	GGC	ACC	ACA	GTG	CTG	TTG	CCC	CTG	GTC	ATT	TTC	TTT
Asn	Val	Lys	Gly	Thr	Glu	Asp	Ser	Gly	Thr	Thr	Val	Leu	Leu	Pro	Leu	Val	Ile	Phe	Phe
873/221						903/231													
GGT	CTT	TGC	CTT	TTA	TCC	CTC	CTC	TTC	ATT	GGT	TTA	ATG	TAT	CGC	TAC	CAA	CGG	TGG	AAG
Gly	Leu	Cys	Leu	Leu	Ser	Leu	Leu	Phe	Ile	Gly	Leu	Met	Tyr	Arg	Tyr	Gln	Arg	Tyr	Lys
933/241						963/251													
TCC	AAG	CTC	TAC	TCC	ATT	GTT	TGT	GGG	AAA	TCG	ACA	CCT	GAA	AAA	GAG	GGG	GAG	CTT	GAA
Ser	Lys	Leu	Tyr	Ser	Ile	Val	Cys	Gly	Lys	Ser	Thr	Pro	Glu	Lys	Gly	Glu	Lys	Gly	Leu
993/261						1023/271													
GGA	ACT	ACT	AAG	CCC	CTG	GCC	CCA	AAC	CCA	AGC	TTC	AGT	CCC	ACT	CCA	GGC	TTC	ACC	
Gly	Thr	Thr	Lys	Pro	Leu	Ala	Pro	Asn	Pro	Pro	Ser	Phe	Ser	Pro	Thr	Pro	Gly	Phe	Thr
1053/281						1083/291													
CCC	ACC	CTG	GGC	TTC	AGT	CCC	GTG	CCC	AGT	TCC	ACC	TTC	ACC	AGC	TCC	ACC	TAT	ACC	
Pro	Thr	Leu	Gly	Phe	Ser	Pro	Val	Pro	Ser	Ser	Thr	Phe	Thr	Ser	Ser	Ser	Thr	Tyr	Thr
1113/301						1143/311													
CCC	GGT	GAC	TGT	CCC	AAC	TTT	GCG	GCT	CCC	CGC	AGA	GAG	GTG	GCA	CCA	CCC	TAT	CAG	GGG
Pro	Gly	Asp	Cys	Pro	Asn	Phe	Ala	Ala	Pro	Arg	Arg	Glu	Val	Ala	Pro	Pro	Tyr	Gln	Gly
1173/321						1203/331													
GCT	GAC	CCC	ATC	CTT	GCG	ACA	GCC	CTC	GCC	TCC	GAC	CCC	ATC	CCC	AAC	CCC	CTT	CAG	AAG
Ala	Asp	Pro	Ile	Leu	Ala	Thr	Ala	Leu	Ala	Ser	Asp	Pro	Ile	Pro	Asn	Pro	Leu	Gln	Lys

Fig. 9/2

1233/341	1263/351
TGG GAG GAC AGC GCC CAC AAG CCA CAG AGC CTA GAC ACT GAT GAC CCC GCG ACG CTG TAC	
Trp Glu Asp Ser Ala His Lys Pro Gln Ser Leu Asp Thr Asp Asp Pro Ala Thr Leu Tyr	
1293/361	1323/371
GCC GTG GTG GAG AAC GTG CCC CCG TTG CGC TGG AAG GAA TTC GTG CGG CGC CTA GGG CTG	
Ala Val Val Glu Asn Val Pro Pro Leu Arg Thr Lys Glu Phe Val Arg Arg Leu Gly Leu	
1353/381	1383/391
AGC GAC CAC GAG ATC GAT CGG CTG GAG CTG CAG AAC GGG CGC TGC CTG CGC GAG GCG CAA	
Ser Asp His Glu Ile Asp Arg Leu Glu Leu Gln Asn Gly Arg Cys Leu Arg Glu Ala Gln	
1413/401	1443/411
TAC AGC ATG CTG GCG ACC TGG AGG CGG CGC ACG CCG CGG CGC GAG GCC ACG CTG GAG CTG	
Tyr Ser Met Leu Ala Thr Trp Arg Arg Arg Thr Pro Arg Arg Glu Ala Thr Leu Glu Leu	
1473/421	1503/431
CTG GGA CGC GTG CTC CGC GAC ATG GAC CTG CTG GGC TGC CTG GAG GAC ATC GAG GAG CGC	
Leu Gly Arg Val Leu Arg Asp Met Asp Leu Leu Gly Cys Leu Glu Asp Ile Glu Glu Ala	
1533/441	1563/451
CTT TGC GGC CCC GCC CCC CTC CGG CCC GCG CCC AGT CTT CTC AGA TGA	1590
Leu Cys Gly Pro Ala Ala Leu Pro Pro Ala Pro Ser Leu Leu Arg Stop	
GGCTGCGCCC CTGCGGGCAG CTCTAAGGAC CGTCCTGCGA 1620	
GATGCCCTTC CAACCCCACT TTTTCTGGA AAGGAGGGGT CCTGCAGGGG CAAGCAGGAG 1680	
CTAGCAGCCG CCTACTTGGT GCTAACCCCT CGATGTACAT AGCTTTCTC AGCTGCCCTGC 1740	
GCGCCGCCGA CAGTCAGCGC TGTGCGCGCG GAGAGAGGTG CGCCGTGGGC TCAAGAGCT 1800	
GAGTGGGTGG TTTGCGAGGA TGAGGGACGC TATGCCCTCAT GCCCCTTTG GGTGTCCCTCA 1860	
CCAGCAAGGC TGTCTGGGGG CCCCTGGTTC GTCCCTGAGC CTTTTTCACA GTGCATAAGC 1920	
AGTTTTTTT GTTTTGTGT TGTTTTAAA TCAATCATGT TACACTAATA 1980	
GAAACTTGGC ACTCTGTGCG CCTCTGCCCTG GACAAGCACA TAGCAAGCTG AACTGTCCCTA 2040	
AGGCAGGGGC GAGCACGGAA CAATGGGGCC TTCAGCTGGA GCTGTGGACT TTTGTACATA 2100	
CACTAAATT CTGAAGTTAA AAAAAAAAAA AAAAGGAATT C 2141	

Fig.10

